

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2002 年1 月24 日 (24.01.2002)

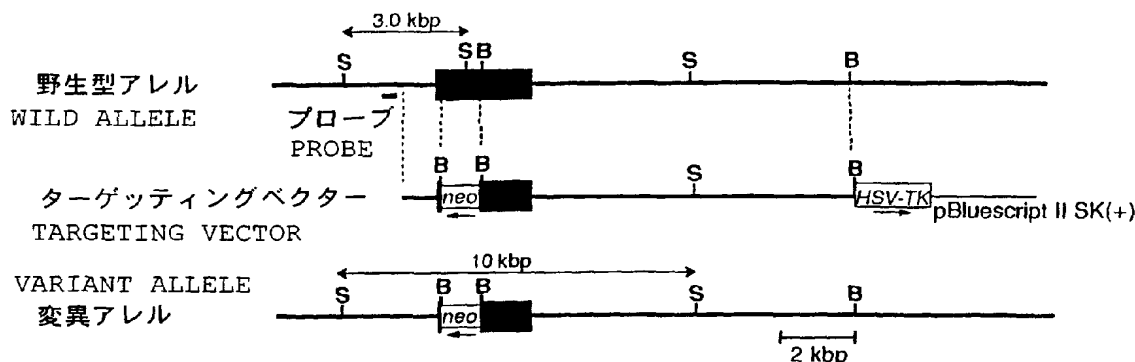
PCT

(10) 国際公開番号
WO 02/06482 A1

- (51) 国際特許分類: C12N 15/12, 5/10, C07K 14/705, 16/28, C12Q 1/68, C12P 21/02, A61K 38/00, 45/00, A61P 31/04, 35/00, 37/08, G01N 33/15, 33/50, 33/566, 33/577 // C12P 21/08, (C12N 15/12, C12R 1:91) (C12N 5/10, C12R 1:91)
- (72) 発明者; および
(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 審良 静男 (AKIRA, Shizuo) [JP/JP]; 〒569-0036 大阪府高槻市辻子一丁目7番16号 Osaka (JP). 辺見 弘明 (HEMMI, Hiroaki) [JP/JP]; 〒567-0048 大阪府茨木市北春日丘四丁目11番47号 112号室 Osaka (JP).
- (21) 国際出願番号: PCT/JP01/04731
- (22) 国際出願日: 2001 年6 月5 日 (05.06.2001)
- (25) 国際出願の言語: 日本語
- (26) 国際公開の言語: 日本語
- (30) 優先権データ:
特願2000-219652 2000 年7 月19 日 (19.07.2000) JP
- (74) 代理人: 廣田 雅紀 (HIROTA, Masanori); 〒107-0052 東京都港区赤坂二丁目8番11号 第11赤坂葵ビル502 Tokyo (JP).
- (81) 指定国 (国内): CA, US.
- (84) 指定国 (広域): ヨーロッパ特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR).
- (71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 科学技術振興事業団 (JAPAN SCIENCE AND TECHNOLOGY CORPORATION) [JP/JP]; 〒332-0012 埼玉県川口市本町四丁目1番8号 Saitama (JP).
- 添付公開書類:
— 国際調査報告書
- 2 文字コード及び他の略語については、定期発行される各 PCT ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: RECEPTOR PROTEIN SPECIFICALLY RECOGNIZING BACTERIAL DNA

(54) 発明の名称: 細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質



(57) Abstract: A receptor protein specifically recognizing a bacterial DNA having an unmethylated CpG sequence; a gene DNA encoding the same; and model animals useful in studying immune responses of immunocytes to bacterial infectious diseases. A DNA encoding a receptor protein specifically recognizing a bacterial DNA having an unmethylated CpG sequence is screened by the BLAST search method. Next, a number of EST clones highly analogous to various TLRs are screened. By using these clones as probes, a full-length cDNA is isolated from a mouse macrophage cDNA library. After analysing the base sequence of the cDNA and confirming that it is TLR9 having conserved domains such as LRR and TIR domains, a knockout mouse is constructed. Thus it is confirmed that TLR9 is a receptor protein of an oligonucleotide containing the unmethylated CpG sequence of a bacterial DNA.

[続葉有]



WO 02/06482 A1



(57) 要約:

非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質や、それをコードする遺伝子DNAや、細菌性伝染病に対する宿主免疫細胞の応答性を調べる上で有用な実験モデル動物を提供するものである。非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAを、BLASTサーチによりスクリーニングし、各種TLRと高い相似性を有する多くのESTクローンをスクリーニングし、これらをプローブにして、マウス・マクロファージcDNAライブラリーから完全長cDNAを単離し、cDNAの塩基配列を解析してLR R及びTIR領域などの保存領域が存在するTLR 9であることを確認した後、ノックアウトマウスを作製し、TLR 9が細菌DNAの非メチル化C p G配列を含むオリゴヌクレオチドの受容体タンパク質であることを確認した。

明 細 書

細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質

5 技術分野

本発明は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質、該受容体タンパク質の遺伝子及びそれらの利用に関する。

10 背景技術

トール（Toll）遺伝子は、ショウジョウバエの胚発生中の背腹軸の決定（Cell 52, 269-279, 1988, Annu. Rev. Cell Dev. Biol. 12, 393-416, 1996）、また成体における抗真菌性免疫応答に必要であることが知られている（Cell 86, 973-983, 1996）。かかるTollは、細胞外領域にロイシンリッチリピート（LLRR）を有するI型膜貫通受容体であり、この細胞質内領域は、哺乳類インターロイキン-1受容体（IL-1R）の細胞質内領域と相同性が高いことが明らかとなっている（Nature 351, 355-356, 1991, Annu. Rev. Cell Dev. Biol. 12, 393-416, 1996, J. Leukoc. Biol. 63, 650-657, 1998）。

20 近年、Toll様受容体（TLR）と呼ばれるTollの哺乳類のホモログが同定され、TLR2やTLR4など現在までに6つのファミリーが報告されている（Nature 388, 394-397, 1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 588-593, 1998, Blood 91, 4020-4027, 1998, Gene 231, 59-65, 1999）。このTLRファミリーは、上記IL-1Rと同様にアダプタータンパク質であるMyD88を介し、IL-1R結合キナーゼ（IRAK）
25 をリクルートし、TRAF6を活性化し、下流のNF- κ Bを活性

化することが知られている (J. Exp. Med. 187, 2097-2101, 1998、Mol. Cell 2, 253-258, 1998、Immunity 11, 115-122, 1999)。また、哺乳類における TLR ファミリーの役割は、細菌の共通構造を認識するパターン認識受容体 (PRR : pattern recognition receptor) として、先天的な免疫認識に関わっているとも考えられている (Cell 91, 295-298, 1997)。

上記 PRR により認識される病原体会合分子パターン (PAMP : pathogen-associated molecular pattern) の一つは、グラム陰性菌の外膜の主成分であるリポ多糖 (LPS) であって (Cell 91, 295-298, 1997)、かかる LPS が宿主細胞を刺激して宿主細胞に TNF α 、IL-1 及び IL-6 等の各種炎症性サイトカインを産生させること (Adv. Immunol. 28, 293-450, 1979、Annu. Rev. Immunol. 13, 437-457, 1995) や、LPS 結合タンパク質 (LBP : LPS-binding protein) により捕獲された LPS が細胞表面上の CD14 に引き渡されることが知られている (Science 249, 1431-1433, 1990、Annu. Rev. Immunol. 13, 437-457, 1995)。本発明者らは、TLR4 のノックアウトマウスを作製し、TLR4 ノックアウトウスが上記グラム陰性菌の外膜の主成分である LPS に不応答性であること (J. Immunol. 162, 3749-3752, 1999) や、TLR2 ノックアウトマウスを作製し、TLR2 ノックアウトマウスのマクロファージがグラム陽性菌細胞壁やその構成成分であるペプチドグリカンに対する反応性が低下すること (Immunity, 11, 443-451, 1999) を報告している。

他方、細菌 DNA (バクテリア由来 DNA) や非メチル化 CpG 配列を含むオリゴヌクレオチドが、マウス及びヒトの免疫細胞を刺激すること (Trends Microbiol. 4, 73-76, 1996、Trends Microbiol. 6, 496-500, 1998) や、IL-12 及び IFN γ の放出に支配される T ヘルパー 1 細胞 (Th1) 様炎症性応答を刺激すること (EMBO J. 18, 6973-6982, 1999、

J. Immunol. 161, 3042-3049, 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 9305-9310, 1999)から、C p G 配列を含むオリゴヌクレオチドは、癌、アレルギー及び伝染病のワクチンを含むワクチン戦略のアジュバントとしての使用可能性が提唱されている(Adv. Immunol. 73, 329-368, 1999, 5 Curr. Opin. Immunol. 12, 35-43, 2000, Immunity 11, 123-129, 1999)。このように臨床実用において効果が期待されるにも関わらず、非メチル化C p G 配列を含む細菌DNAが免疫細胞を活性化する分子メカニズムはよくわかっていない。

上記のように、メチル化されていないC p G モチーフを含有するバク
10 テリア由来DNAは免疫細胞を非常に活性化し、T h 1 の応答を誘導するが、その分子レベルでの活動はあまり理解されていない。本発明の課題は、細菌DNAの非メチル化C p G 配列を含むオリゴヌクレオチドの分子レベルでの作用を明らかにすることができる、非メチル化C p G 配列を有する細菌DNAを特異的に認識するTLRファミリーのメンバー受
15 容体タンパク質TLR 9 や、それをコードするDNAや、細菌性伝染病に対する宿主免疫細胞の応答性を調べる上で有用な実験モデル動物を提供することにある。

細菌の共通構造を認識するパターン認識受容体として、先天的な免疫認識に関わっている哺乳類におけるTLRファミリーは、現在までに6
20 つのメンバー(TLR 1 - 6)が公表されており(Nature 388, 394-397, 1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95, 588-593, 1998, Gene 231, 59-65, 1999)、TLR 7 及びTLR 8 の新たな2つのメンバーがGenBankに登録されている(登録番号AF 2 4 0 4 6 7 及びAF 2 4 6 9 7 1)。また、TLR 9 についても完全長cDNAが見い出されGenBankに登録され
25 ている(登録番号AF 2 4 5 7 0 4)が、その機能については知られていなかった。

本発明者らは、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する T L R ファミリーのメンバー受容体タンパク質をコードする DNA を、B L A S T サーチによりスクリーニングし、既に同定されている各種 T L R と高い相似性を有する多くのシークエンス・タグ (E S T) クローンをスクリーニングし、これらの遺伝子フラグメントをプローブにして、マウス・マクロファージ c D N A ライブラリーから完全な長さを有する c D N A を単離し、これを用いてヒト c D N A も単離した。次に、これら c D N A の塩基配列を解析し、この T L R ファミリーに L R R 及び T I R 領域などの保存領域が存在する T L R 9 であることを確認した。

そこで、この T L R 9 ノックアウトマウスを作製し、T L R 9 が細菌 DNA の非メチル化 C p G 配列を含むオリゴヌクレオチドの受容体タンパク質であることを明らかにし、本発明を完成するに至った。

発明の開示

すなわち本発明は、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA (請求項 1) や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の (a) 又は (b) のタンパク質であることを特徴とする請求項 1 記載の DNA (a) 配列番号 2 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質 (b) 配列番号 2 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質 (請求項 2) や、配列番号 1 に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項 1 記載の DNA (請求項 3) や、請求項 3 記載の遺伝子を構成する DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴

とする請求項 1 記載の DNA（請求項 4）や、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の (a) 又は (b) のタンパク質であることを特徴とする請求項 1 記載の DNA (a) 配列番号 4 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質 (b) 配列番号 4 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質（請求項 5）や、配列番号 3 に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項 1 記載の DNA（請求項 6）や、請求項 6 記載の遺伝子を構成する DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項 1 記載の DNA（請求項 7）に関する。

また本発明は、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質（請求項 8）や、配列番号 2 に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質（請求項 9）や、配列番号 2 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質（請求項 10）や、配列番号 4 に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質（請求項 11）や、配列番号 4 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質（請求項 12）に関する。

また本発明は、請求項 8～12 のいずれか記載のタンパク質と、マーカータンパク質及び／又はペプチドタグとを結合させた融合タンパク質（請求項 13）や、請求項 8～12 のいずれか記載のタンパク質と特異

的に結合する抗体（請求項 1 4）や、抗体がモノクローナル抗体であることを特徴とする請求項 1 4 記載の抗体（請求項 1 5）や、請求項 8 ～ 1 2 のいずれか記載のタンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞（請求項 1 6）に関する。

- 5 また本発明は、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現すること
- 10 を特徴とする非ヒト動物（請求項 1 7）や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損したことを特徴とする非ヒト動物（請求項 1 8）や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して不反応性であることを特徴とする請求項 1 8 記載の非ヒト動物（請求項 1 9）や、齧歯目動物が、マウスであることを特徴とする請求項 1 7 ～ 1 9 のいずれか記載の非ヒト動物（請求項 2 0）に関する。

- 15 また本発明は、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した細胞に、請求項 1 ～ 7 のいずれか記載の D N A を導入することを特徴とする非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質を発現する細胞の調製方法（請求項 2 1）や、請求項 2 1 記載の非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受
- 20 容体タンパク質を発現する細胞の調製方法により得られることを特徴とする非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞（請求項 2 2）に関する。

- 25 また本発明は、被検物質の存在下、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質を発現している細胞をインビトロで培養し、T L R 9 活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タン

パク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項
23）や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する
受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒ
ト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ
5 又は脾臓細胞のTLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチ
ル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク
質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項24）
や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容
体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現した非ヒト動物に被検物質
10 を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞のT
LR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を
有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又
はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項25）や、非ヒト動物
が、マウスであることを特徴とする請求項24又は25記載の非メチル
15 化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質の
アゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項26）に
関する。

また本発明は、請求項23～26のいずれか記載の非メチル化CpG
配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニ
20 スト又はアンタゴニストのスクリーニング方法により得られる非メチル
化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質
のアゴニスト又はアンタゴニスト（請求項27）や、非メチル化CpG
配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の全部又
はその一部を有効成分として含有する医薬組成物（請求項28）や、請
25 求項27記載のアゴニスト又はアンタゴニストを有効成分として含有す
る医薬組成物（請求項29）や、検体中の非メチル化CpG配列を有す

る細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAと、請求項3記載のDNAとの塩基配列を比較することができる、請求項3記載のDNAを含むことを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA
5 配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾病の診断キット（請求項30）に関する。

図面の簡単な説明

第1図は、本発明のTLR9ノックアウトマウスと野生型マウスの遺
10 伝子地図を示す図である。

第2図は、本発明のTLR9ノックアウトマウスのサザンブロット分析の結果を示す図である。

第3図は、本発明のTLR9ノックアウトマウスの脾臓細胞におけるノーザンブロット分析の結果を示す図である。

15 第4図は、本発明のTLR9ノックアウトマウスと野生型マウスのアミノ酸配列の比較結果を示す図である。

第5図は、本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN、PGN又はLPS誘導によるTNF α 、IL-6又はIL12の産生量の結果を示す図である。

20 第6図は、本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導による細胞増殖応答の結果を示す図である。

第7図は、本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導によるIL-12の産生量の結果
25 を示す図である。

第8図は、本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスに

における CpG ODN 又は LPS 誘導による CD40、CD80、CD86 及び MHC クラス II の発現量の結果を示す図である。

第 9 図は、本発明の TLR9 ノックアウトマウス及び野生型マウスにおける CpG ODN 又は LPS 誘導による NF- κ B の活性化の結果
5 を示す図である。

第 10 図は、本発明の TLR9 ノックアウトマウス及び野生型マウスにおける CpG ODN 又は LPS 誘導による JNK の活性化の結果を示す図である。

第 11 図は、本発明の TLR9 ノックアウトマウス及び野生型マウス
10 における CpG ODN 又は LPS 誘導による IRAK の活性化の結果を示す図である。

発明を実施するための最良の形態

本発明における非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA としては、
15 T細胞、B細胞、抗原提示細胞等の免疫細胞を活性化し、免疫応答を誘導することができる、メチル化されていない CpG モチーフを有するオリゴデオキシヌクレオチド (ODN) 等のバクテリアに由来する DNA であればどのようなものでもよく、エセリシア・コリ、クレブシェラ・ニューモニエ、シュードモナス・アエルギノサ、サルモネラ・チフィム
20 リウム、セラチア・マルセッセンス、フレクスナー赤痢菌、ビブリオ・コレレエ、サルモネラ・ミネソタ、ポルフィロモナス・ジンジバリス、スタフィロコッカス・アウレウス、コリネバクテリウム・ジフテリア、ノカルジア・コエリアカ、ストレプトコッカス・ニューモニアなどのバクテリア由来の DNA を具体的に挙げるができる。

25 かかる非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質としては、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA

を特異的に認識することができるタンパク質であれば特に制限されるものではなく、例えば、配列表の配列番号 2 で示されるヒト由来の TLR 9 や、配列番号 2 で示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ
5 上記非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識することができるタンパク質や、これらの組換えタンパク質を具体的に挙げる
ことができる。かかる非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質は、その DNA 配列情報等に基づき公知の方法で調製することができる。

- 10 また、本発明の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA としては、配列表の配列番号 2 で示されるヒト由来の TLR 9 をコードする DNA、例えば配列番号 1 で示されるものや、配列番号 2 で示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配
15 列からなり、かつ上記非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識することができるタンパク質をコードする DNA や、これら DNA とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつ上記非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識することができるタンパク質をコードする DNA も包含され、これらはその DNA 配列情報
20 等に基づき、例えばマウス由来の TLR 9 においてはマウス RAW 264.7 cDNA ライブラリーや 129/SvJ マウス遺伝子ライブラリーなどから公知の方法により調製することができる。

- また、配列番号 1 に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部又は全部をプローブとして、マウス由来の DNA ライ
25 ブラリーに対してストリンジントな条件下でハイブリダイゼーションを行ない、該プローブにハイブリダイズする DNA を単離することにより、

受容体タンパク質 T L R 9 と同効な目的とする免疫誘導非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする D N A を得ることもできる。かかる D N A を取得するためのハイブリダイゼーションの条件としては、例えば、42℃でのハイブリダイゼーション、及び 1 × S S C、0.1%の S D S を含む緩衝液による 42℃での洗浄処理を挙げることができ、65℃でのハイブリダイゼーション、及び 0.1 × S S C、0.1%の S D S を含む緩衝液による 65℃での洗浄処理をより好ましく挙げることができる。なお、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーに影響を与える要素としては、上記温度条件以外に種々の要素があり、当業者であれば、種々の要素を適宜組み合わせ、上記例示したハイブリダイゼーションのストリンジェンシーと同等のストリンジェンシーを実現することが可能である。

本発明の融合タンパク質とは、マウス、ヒト等の非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質に、マーカータンパク質及び／又はペプチドタグを結合させたものをいい、マーカータンパク質としては、従来知られているマーカータンパク質であればどのようなものでもよく、例えば、アルカリフォスファターゼ、抗体の F c 領域、H R P、G F P などを具体的に挙げることができ、また本発明におけるペプチドタグとしては、M y c タグ、H i s タグ、F L A G タグ、G S T タグなどの従来知られているペプチドタグを具体的に例示することができる。かかる融合タンパク質は、常法により作製することができ、N i - N T A と H i s タグの親和性を利用した非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質の精製や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質の検出や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体の定量や、その他当該分

野の研究用試薬としても有用である。

本発明の非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体としては、モノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖抗体、ヒト化抗体等の免疫特異的な抗体を具体的に挙げることができ、これらは上記非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質を抗原として用いて常法により作製することができるが、その中でもモノクローナル抗体がその特異性の点でより好ましい。かかるモノクローナル抗体等の非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体は、例えば、T L R 9 の変異又は欠失に起因する疾病の診断や T L R 9 の制御分子機構を明らかにする上で有用である。

非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体は、慣用のプロトコルを用いて、動物（好ましくはヒト以外）に該非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質若しくはエピトープを含む断片、又は該タンパク質を膜表面に発現した細胞を投与することにより産生され、例えばモノクローナル抗体の調製には、連続細胞系の培養物により産生される抗体をもたらす、ハイブリドーマ法（Nature 256, 495-497, 1975）、トリオーマ法、ヒト B 細胞ハイブリドーマ法（Immunology Today 4, 72, 1983）及び E B V - ハイブリドーマ法（MONOCLONAL ANTIBODIES AND CANCER THERAPY, pp.77-96, Alan R.Liss, Inc., 1985）など任意の方法を用いることができる。以下に非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質として、マウス由来の T L R 9 を例に挙げてマウス由来の T L R 9 に対して特異的に結合するモノクローナル抗体、すなわち抗 m T L R 9 モノクローナル抗体の作製

方法を説明する。

上記抗mTLR9モノクローナル抗体は、抗mTLR9モノクローナル抗体産生ハイブリドーマをインビボ又はインビトロで常法により培養することにより生産することができる。例えば、インビボ系においては、
5 齧歯動物、好ましくはマウス又はラットの腹腔内で培養することにより、またインビトロ系においては、動物細胞培養用培地で培養することにより得ることができる。インビトロ系でハイブリドーマを培養するための培地としては、ストレプトマイシンやペニシリン等の抗生物質を含むRPMI 1640又はMEM等の細胞培養培地を例示することができる。

10 抗mTLR9モノクローナル抗体産生ハイブリドーマは、例えば、マウス等から得られた受容体タンパク質TLR9を用いてBALB/cマウスを免疫し、免疫されたマウスの脾臓細胞とマウスNS-1細胞(ATCC TIB-18)とを、常法により細胞融合させ、免疫蛍光染色パターンによりスクリーニングすることにより、抗mTLR9モノクローナル抗体産生ハイブリドーマを作出することができる。また、かかる
15 モノクローナル抗体の分離・精製方法としては、タンパク質の精製に一般的に用いられる方法であればどのような方法でもよく、アフィニティークロマトグラフィー等の液体クロマトグラフィーを具体的に例示することができる。

20 また、本発明の上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する一本鎖抗体をつくるためには、一本鎖抗体の調製法（米国特許第 4,946,778 号）を適用することができる。また、ヒト化抗体を発現させるために、トランスジェニックマウス又は他の哺乳動物等を利用したり、上記抗体を用いて、その非メチル化
25 CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現するクローンを単離・同定したり、アフィニティークロマトグラフ

ィーでそのポリペプチドを精製することもできる。非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体は、非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の分子機構を明らかにする上で有用である。

- 5 また上記抗m T L R 9モノクローナル抗体等の抗体に、例えば、F I T C（フルオレセインイソシアネート）又はテトラメチルローダミンイソシアネート等の蛍光物質や、 ^{125}I 、 ^{32}P 、 ^{35}S 又は ^3H 等のラジオアイソトープや、アルカリホスファターゼ、ペルオキシダーゼ、 β -ガラクトシダーゼ又はフィコエリトリン等の酵素で標識したものや、グリー
- 10 ーン蛍光タンパク質（G F P）等の蛍光発光タンパク質などを融合させた融合タンパク質を用いることによって、上記非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の機能解析を行うことができる。また免疫学的測定方法としては、R I A法、E L I S A法、蛍光抗体法、プラーク法、スポット法、血球凝集反応法、オクタ
- 15 ロニー法等の方法を挙げることができる。

- 本発明はまた、上記非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞に関する。かかる非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の宿主細胞
- 20 への導入は、Davis ら（BASIC METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY, 1986）及び Sambrook ら（MOLECULAR CLONING: A LABORATORY MANUAL, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989）などの多くの標準的な実験室マニュアルに記載される方法、例えば、リン酸カルシウムトランスフェクション、D
- 25 E A Eーデキストラン媒介トランスフェクション、トランスベクション (transvection)、マイクロインジェクション、カチオン性脂質媒介トラン

スフェクション、エレクトロポレーション、形質導入、スクレープローディング (scrape loading)、弾丸導入(ballistic introduction)、感染等により行うことができる。そして、宿主細胞としては、大腸菌、ストレプトミセス、枯草菌、ストレプトコッカス、スタフィロコッカス等の細菌
5 原核細胞や、酵母、アスペルギルス等の真菌細胞や、ドロソフィラ S 2、スポドプテラ S f 9 等の昆虫細胞や、L 細胞、CHO 細胞、COS 細胞、HeLa 細胞、C127 細胞、BALB/c 3T3 細胞（ジヒドロ葉酸レダクターゼやチミジンキナーゼなどを欠損した変異株を含む）、BHK 21 細胞、HEK 293 細胞、Bowes メラノーマ細胞、卵母細胞等
10 の動植物細胞などを挙げるることができる。

また、発現系としては、上記非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を宿主細胞内で発現させることができる発現系であればどのようなものでもよく、染色体、エピソーム及びウイルスに由来する発現系、例えば、細菌プラスミド由来、酵母プ
15 ラスミド由来、SV40 のようなパポバウイルス、ワクシニアウイルス、アデノウイルス、鶏痘ウイルス、仮性狂犬病ウイルス、レトロウイルス由来のベクター、バクテリオファージ由来、トランスポゾン由来及びこれらの組合せに由来するベクター、例えば、コスミドやファージミドのようなプラスミドとバクテリオファージの遺伝的要素に由来するものを
20 挙げるることができる。これら発現系は、発現を起こさせるだけでなく、発現を調節する制御配列を含んでいてもよい。

上記発現系を含んでなる宿主細胞やかかる細胞の細胞膜、またかかる細胞を培養して得られる非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質は、後述するように本発明のスクリー
25 ニング方法に用いることができる。例えば、細胞膜を得る方法としては、F. Pietri-Rouxel (Eur. J. Biochem., 247, 1174-1179, 1997) らの方法な

どを用いることができ、また、かかる非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を細胞培養物から回収し精製するには、硫酸アンモニウムまたはエタノール沈殿、酸抽出、アニオンまたはカチオン交換クロマトグラフィー、ホスホセルロースクロマトグラフィー、疎水性相互作用クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィーおよびレクチンクロマトグラフィーを含めた公知の方法、好ましくは、高速液体クロマトグラフィーが用いられる。特に、アフィニティークロマトグラフィーに用いるカラムとしては、例えば、抗 T L R 9 モノクローナル抗体等の抗非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質抗体を結合させたカラムや、上記 T L R 9 等の非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質に通常のペプチドタグを付加した場合は、このペプチドタグに親和性のある物質を結合したカラムを用いることにより、これらの非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を得ることができる。

本発明において、上記非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現する非ヒト動物とは、野生型非ヒト動物に比べてかかる非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を大量に産生する非ヒト動物をいい、また、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物とは、染色体上の非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の一部若しくは全部が破壊・欠損・置換等の遺伝子変異により不活性化され、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する

受容体タンパク質を発現する機能を失なった非ヒト動物をいう。そして、本発明における非ヒト動物としては、ウサギや、マウス、ラット等の齧歯目動物などの非ヒト動物を具体的に挙げることができるが、これらに限定されるものではない。

- 5 また、本発明において非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して不反応性とは、細菌 D N A による刺激に対する生体又は生体を構成する細胞、組織若しくは器官の反応性が低下しているか、あるいはほぼ失われていることを意味する。したがって、本発明において非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して不反応性の非ヒト動物とは、細菌 D N A による刺激に対して、生体又は生体を構成する細胞、組織若しくは器官の反応性が低下しているか、あるいはほぼ失われているマウス、ラット、ウサギ等のヒト以外の動物をいう。また、細菌 D N A による刺激としては、細菌 D N A を生体に投与するインビボでの刺激や、生体から分離された細胞に細菌 D N A を接触させるインビトロでの刺激等を挙げることができる、具体的には、T L R 9 ノックアウトマウス等の T L R 9 遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物を挙げることができる。
- 10
- 15

- ところで、メンデルの法則に従い出生してくるホモ接合体非ヒト動物には、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質欠損型又は過剰発現型とその同腹の野生型とが含まれ、これらホモ接合体非ヒト動物における欠損型又は過剰発現型とその同腹の野生型を同時に用いることによって個体レベルで正確な比較実験をすることができることから、野生型の非ヒト動物、すなわち非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損又は過剰発現する非ヒト動物と同種の動物、さらには同腹の動物を、例えば下記に記載する本発明のスクリーニングに際して併用することが好ましい。かかる非メチル化 C p G
- 20
- 25

配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損又は過剰発現する非ヒト動物の作製方法を、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のノックアウトマウスやトランスジェニックマウスを例
5 にとって以下説明する。

例えば、TLR9等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損したマウス、すなわち非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質ノックアウトマウスは、マウス遺伝
10 子ライブラリーからPCR等の方法により得られた遺伝子断片を用いて、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子をスクリーニングし、スクリーニングされた非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子をウイルスベクター等を用いてサブ
15 クローンし、DNAシーケンシングにより特定する。このクローンの非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の全部又は一部をpMC1ネオ遺伝子カセット等に置換し、3'末端側にジフテリアトキシンAフラグメント(DT-A)遺伝子や単純ヘルペスウイルスのチミジンキナーゼ(HSV-t
20 k)遺伝子等の遺伝子を導入することによって、ターゲットベクターを作製する。

この作製されたターゲティングベクターを線状化し、エレクトロポレーション（電気穿孔）法等によってES細胞に導入し、相同的組換えを行い、その相同的組換え体の中から、G418やガンシクロビア(GANC)
25 NC)等の抗生物質により相同的組換えを起こしたES細胞を選択する。また、この選択されたES細胞が目的とする組換え体かどうかをサザン

ブロット法等により確認することが好ましい。その確認されたES細胞のクローンをマウスの胚盤胞中にマイクロインジェクションし、かかる胚盤胞を仮親のマウスに戻し、キメラマウスを作製する。このキメラマウスを野生型のマウスとインタークロスさせると、ヘテロ接合体マウスを得ることができ、また、このヘテロ接合体マウスをインタークロスさせることによって、本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質ノックアウトマウスを作製することができる。また、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質ノックアウトマウスが生起しているかどうかを確認する方法としては、例えば、上記の方法により得られたマウスからRNAを単離してノーザンブロット法等により調べたり、またこのマウスの発現をウエスタンブロット法等により調べる方法がある。

また、作出されたTLR9ノックアウトマウスが非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不応答性であることは、例えば、CpG ODNをTLR9ノックアウトマウスのマクロファージ、単核細胞、樹状細胞などの免疫細胞にインビトロ又はインビボで接触せしめ、かかる細胞におけるTNF- α 、IL-6、IL-12、IFN- γ 等の産生量や、脾臓B細胞の増殖応答や、脾臓B細胞表面でのCD40、CD80、CD86、MHCクラスII等の抗原の発現量や、NF- κ B、JNK、IRAK等のTLR9のシグナル伝達経路における分子の活性化を測定することにより確認することができる。そして、本発明のTLR9ノックアウトマウスは、非メチル化CpG配列を有する細菌DNA等の作用機序の解明や細菌感染に対するワクチン開発に有用なモデルとすることができる。

非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のトランスジェニックマウスは、TLR9等の非メチル化C

p G 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする c DNA にチキン β -アクチン、マウスニューロフィラメント、SV 40 等のプロモーター、及びラビット β -グロビン、SV 40 等のポリ A 又はイントロンを融合させて導入遺伝子を構築し、該導入遺伝子をマウス受精卵の前核にマイクロインジェクションし、得られた卵細胞を培養した後、仮親のマウスの輸卵管に移植し、その後被移植動物を飼育し、産まれた仔マウスから前記 c DNA を有する仔マウスを選択することによりかかるトランスジェニックマウスを創製することができる。また、c DNA を有する仔マウスの選択は、マウスの尻尾等より粗 DNA を抽出し、導入した非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子をプローブとするドットハイブリダイゼーション法や、特異的プライマーを用いた PCR 法等により行うことができる。

また、本発明の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA の全部あるいは一部を用いると、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質の欠失又は異常に起因する疾病等の遺伝子治療に有効な細胞を調製することができる。本発明におけるこれら細胞の調製方法としては、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した細胞に、上記本発明の DNA の全部あるいは一部をトランスフェクション等により導入し、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞を得る方法を挙げることができ、特に、かかる非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞としては、上記 DNA 等が染色体にインテグレートされ、ステイブルに TLR 9 活性を示す細胞を用いる

ことが好ましい。

そしてまた、上記非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質とマーカータンパク質及び／又はペプチドタグとを結合させた融合非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現する非ヒト動物、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞等を用いると、本発明の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストや、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対する反応性の抑制物質又は促進物質をスクリーニングすることができる。これらのスクリーニングにより得られたものは、細菌感染症に対する抑制物質又は促進物質や、アレルギー性疾患若しくは癌に対する抑制剤、予防剤又は治療薬や、遺伝子治療等において副作用を抑制剤又は阻害剤や、TLR9 活性の欠失又は異常に起因する疾病等の診断・治療に有用な物質である可能性がある。

上記 TLR9 活性とは、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA と特異的に反応し、細胞内にシグナルを伝達する機能をいい、シグナル伝達機能としては、TNF- α 、IL-6、IL-12、IFN- γ 等のサイトカインを産生する機能や、亜硝酸イオンを産生する機能や、細胞

を増殖する機能や、細胞表面においてCD40、CD80、CD86、MHCクラスII等の抗原を発現する機能や、NF- κ B、JNK、IRAK等のTLR9のシグナル伝達経路における分子を活性化させる機能などを具体的に例示することができるが、これらに限定されるものではない。

本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法としては、被検物質の存在下、マクロファージ、脾臓細胞又は樹状細胞などの免疫細胞、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現している細胞、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質を発現している細胞をインビトロで培養し、TLR9活性を測定・評価する方法や、野生型非ヒト動物、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物、又は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ、脾臓細胞、又は樹状細胞などの免疫細胞のTLR9活性を測定・評価する方法等を具体的に挙げることができる。

また、マクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価するに際し、対照として野生型非ヒト動物、特に同腹の野生型非ヒト動物の測定値と比較・評価することが個体差によるバラツキをなくすることができるので好ましい。このことは、以下に示す非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対する反応性の抑制物質又は促進物質のスクリーニ

ングにおいても同様である。

また、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対する反応性の抑制物質又は促進物質のスクリーニング方法としては、被検物質と非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A との存在下、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質、又は該タンパク質を発現している細胞膜をインビトロでインキュベーションし、該タンパク質との反応性を測定・評価する方法や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞と被検物質とをあらかじめインビトロで接触せしめた後、該マクロファージ又は脾臓細胞を非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A の存在下で培養し、該マクロファージ若しくは脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞と非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A とをあらかじめインビトロで接触せしめた後、該マクロファージ又は脾臓細胞を被検物質の存在下で培養し、該マクロファージ若しくは脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物にあらかじめ被検物質を投与した後、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞を非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A の存在下で培養し、該マクロファージ若しくは脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝

子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物にあらかじめ被検物質を投与した後、該非ヒト動物を細菌により感染させ、該非ヒト動物から得られるマクロファージ若しくは脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ細菌により感染させた後、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞を被検物質の存在下で培養し、該マクロファージ若しくは脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ細菌により感染させた後、該非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ若しくは脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物にあらかじめ被検物質を投与した後、該非ヒト動物を細菌により感染させ、該非ヒト動物におけるマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ細菌により感染させた後、該非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物におけるマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法などを具体的に挙げることができる。また、これらのスクリーニング方法に用いる非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA としては、CpG ODN (TCC-ATG-ACG-TTC-CTG-ATG-C T: 配列番号 5) を用いることが好ましいが、これに限定されるのもで

はない。

本発明はまた、検体中の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA 配列を、本発明の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA 配列と比較することからなる、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾病の診断に用いられる診断キットに関する。

非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA の変異型の検出は、遺伝子に変異がある個体を DNA レベルで見い出すことにより行うことができ、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質の過少発現、過剰発現又は変異発現により生ずる疾病の診断に有効である。

かかる検出に用いられる検体としては、被験者の細胞、例えば血液、尿、唾液、組織等の生検から得ることができるゲノム DNA や、RNA 又は cDNA を具体的に挙げることができるがこれらに限定されるものではなく、かかる検体を使用する場合、PCR 等により増幅したものを用いることもできる。そして、塩基配列の欠失や挿入変異は、正常な遺伝子型と比較したときの増幅産物のサイズの変化により検出でき、また点突然変異は増幅 DNA を標識非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子とハイブリダイズさせることで同定することができる。このように、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の変異を検出することで、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾病の診断又は判定をすることができる。

本発明はまた、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に

認識する受容体タンパク質をコードするDNA又はRNAのアンチセンス鎖の全部又は一部からなる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾患の診断用プローブ、及び当該プローブ及び／又は本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体を含有してなる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾患の診断キットに関する。前記診断用プローブとしては、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA（cDNA）又はRNA（cRNA）のアンチセンス鎖の全部又は一部であり、プローブとして成立する程度の長さ（少なくとも20ベース以上）を有するものであれば特に制限されるものではない。かかるプローブ及び／又は本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体を細菌感染症等のような症状の疾患の診断薬の有効成分とするためには、プローブが分解されないような適当なバッファー類や滅菌水に溶解することが好ましい。また、これらの診断薬を用いた、免疫染色法（Dev. Biol. 170, 207-222, 1995、J. Neurobiol. 29, 1-17, 1996）や、In situ ハイブリダイゼーション法（J. Neurobiol. 29, 1-17, 1996）や、in situ PCR法等の方法により細菌感染症等のような症状の疾患を診断することもできる。

本発明の医薬組成物としては、TLR9等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の全部又はその一部や、上記受容体タンパク質のアゴニストやアンタゴニストを含むものであれば、どのようなものでもよい。具体的には、細菌感染症に対するワクチンや、癌に対するワクチンや、気管支喘息をはじめとするアレ

ルギー疾患の治療薬や、アンチセンスオリゴヌクレオチドを用いた治療や遺伝子治療において障害となる CpG モチーフの存在による副作用の克服剤・抑制剤・阻害剤などを挙げることができる。

前記のように、本発明の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を
5 特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA 配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾病の診断キットとしては、TLR9 をコードする DNA を含むものであればどのようなものでもよく、かかる TLR9 をコードする DNA と検体中の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA との
10 塩基配列を比較することにより、非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA 配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾病、例えば、癌、アレルギー、伝染病等の診断が可能となる。

以下に、実施例を挙げてこの発明を更に具体的に説明するが、この発
15 明の技術的範囲はこれら実施例により限定されるものではない。

実施例 1 (TLR9 のクローニング)

ヒト TLR4 の DNA 配列情報を用いて、GenBank をサーチした結果、相同性がきわめて高いマウス EST (登録番号 AA273731 ; マウス) を見い出した。このマウス EST の PCR 増幅産物をプローブ
20 として、マウス RAW264.7 cDNA ライブラリーをスクリーニングし、完全な TLR9 オープンリーディングフレームを含む配列番号 3 に示される完全長の cDNA クローンを単離した。このマウス TLR9 の DNA 配列情報を用いて GenBank をサーチし、高い相同性を有するヒトゲノム配列を見い出した。このヒトゲノム配列に基づいて、cDNA
25 A 端部を増幅し、U937 細胞 (J. Immunol. 163, 5039-5048, 1999) から、配列番号 1 に示される塩基配列を有する完全長のヒト TLR9 の c

DNAを単離した。

実施例 2 (TLR9 ノックアウトマウスの作製)

- 129/SvJ マウス遺伝子ライブラリー (ストラタジーン社製) から TLR9 ゲノム DNA を単離し、pBluescript II SK(+)ベクター (ストラ
5 ラタジーン社製) 中でサブクローンし、制限酵素マッピング及び DNA
配列決定により特定した。ターゲッティングベクターは、LRR (ロイ
シンリッチリピート) 領域の一部をコードする 1.0 kb のフラグメ
ントを、ネオマイシン耐性遺伝子カセット (pMC1-neo; ストラタジ
10 ーン社製) に置換し、負の選択マーカーとして単純ヘルペスウィルスチミ
ジンキナーゼ (HSV-TK) を挿入することにより構築した (図 1)。
このターゲッティングベクターを線状化し、胎生 14.1 日目の胚幹細
胞 (ES 細胞) にエレクトポレーションし、G418 及びガンシクロピ
アに抵抗性を示す 292 個のクローンを選択し、PCR 法及びサザンブ
ロット法により 14 個のクローンをスクリーニングした。
- 15 突然変異 TLR9 対立遺伝子を含有していた 3 個の標的 ES クロー
ンを、C57BL/6 マウスの胚盤胞中にマイクロインジェクションしキ
メラマウスを作製した。この雄のキメラマウスを C57BL/6 雌マウ
スと交配させ、ヘテロ接合体 F1 マウスを作製し、かかるヘテロ接合体
F1 マウスをインタークロスすることによってホモ接合体マウス (TL
20 R9 ノックアウトマウス: TLR9^{-/-}) を得た (図 2)。なお、ホモ接
合体マウスの確認は、マウスの尾から抽出した各ゲノム DNA を Sca
I でダイジェストし、図 1 に示すプローブを用いたサザンロット法に
より行った。本発明の TLR9 ノックアウトマウス (TLR9^{-/-}) は
メンデルの法則に従い作製することができ、12 週目までは顕著な異常
25 を示さなかった。

突然変異により TLR9 遺伝子の不活性化が生起していることを確認

5 するため、野生型マウス (+/+) 及び T L R 9 ノックアウトマウス (-/-) の脾臓細胞から抽出した全 R N A (1 0 μ g) を電気泳動にかけナイロン膜に移して、[³²P] で標識した T L R 9 の C - 末端フラグメント若しくは N - 末端フラグメント、又は β - アクチン (β - a c t i n) に特異的な c D N A を用いてノーザンブロット分析を行った (図 3) 。
これらの結果から、T L R 9 m R N A の N - 末端フラグメントは T L R 9 ノックアウトマウスの脾臓細胞からは検出されなかった。また、C - 末端フラグメントをプローブとした場合、変異マウス由来の T l r 9 の転写は野生型マウス由来のものとほぼ同じサイズのものが検出されたが、
10 生産量においては少ないことがわかった。そこで、変異マウスから得られた脾臓細胞の m R N A を用いて R T - P C R 法を行い、得られた生成物の配列分析を行った。この結果、転写された T l r 9 遺伝子には n e o 遺伝子が含まれており、この n e o の挿入によって、T L R 9 の N - 末端部位にストップコドンが出現し、変異マウスにおいて機能的な T L R
15 9 タンパク質が発現しないことがわかった (図 4) 。なお、T L R 9 ノックアウトマウスのリンパ細胞をフローサイトメトリーで測定した結果、異常成分は見られなかった。

実施例 3 (腹腔マクロファージの調製)

20 野生型マウス (w i l d - t y p e) 及び T L R 9 ノックアウトマウス (T L R 9 -/-) のそれぞれの腹腔内に 4 % のチオグリコール酸培地 (D I F C O 社製) を 2 m l ずつ注入し、3 日後に各マウスの腹腔内から腹膜滲出細胞を単離し、これらの細胞を 1 0 % のウシ胎仔血清 (G I B C O 社製) を添加した R P M I 1 6 4 0 培地 (G I B C O 社製) 中で 3 7 $^{\circ}$ C にて 2 時間培養し、氷温のハンクス緩衝液 (H a n k ' s b u f f e r e d s a l t
25 s o l u t i o n : H B S S ; G I B C O 社製) で洗浄することにより非付着細胞を取り除き、付着細胞を腹膜マクロファージとして以下の実験に使用

した。

実施例 4 (TLR 9 ノックアウトマウスの非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対する応答性)

最近、CpG ODN (oligodeoxynucleotide) の応答性は、TLR
5 を介するシグナル伝達経路の中のアダプタータンパク質である MyD88 に依存していることが明らかになった。この MyD88 ノックアウトマウスは CpG ODN に対して応答しないが、TLR 2 ノックアウトマウスや TLR 4 ノックアウトマウスは正常に CpG ODN に対して応答する。これらのことは、CpG ODN が TLR 2 及び TLR 4 以外
10 の TLR によって認識されることを示している。そこで、TLR 9 ノックアウトマウスの CpG ODN に対する応答性を調べてみた。まず、腹腔マクロファージにおける炎症性サイトカインの産生量を以下のように測定した。

実施例 3 により調製した各腹膜マクロファージを $\text{INF}\gamma$ (30 $\mu\text{g}/\text{ml}$) の存在下又は非存在下において、図 5 に示された各種濃度の CpG ODN (0.1 又は 1.0 μM ; TIB MOLBIOL 社製; TCC-ATG-ACG-TTC-CTG-ATG-CT)、PGN (10 $\mu\text{g}/\text{ml}$; Sigma and Fluka 社製; スタフィロコッカス・アウレウス由来)、LPS (1.0 $\mu\text{g}/\text{ml}$; Sigma 社製; サルモネラ・ミネソタ
20 Re-595 由来) といっしょに 24 時間培養した。培養後、培養上清中の $\text{TNF}\alpha$ 、IL-6 及び IL-12 p40 の各濃度を ELISA 法により測定した。この結果を図 5 に示す。これらの結果から、野生型マウス (Wild-type) のマクロファージは CpG ODN に応答して $\text{TNF}\alpha$ 、IL-6 及び IL-12 を産生し、さらに $\text{INF}\gamma$ 及び
25 CpG ODN で刺激すると、 $\text{TNF}\alpha$ 、IL-6 及び IL-12 の産生量が増加することがわかった。しかし、TLR 9 ノックアウトマウス

ス (TLR9^{-/-}) 由来のマクロファージは、IFN γ の存在下でさえ、CpG ODN に対する応答において検出可能なレベルの炎症性サイトカインを産生していなかった。また、野生型マウス及び TLR9 ノックアウトマウス由来のマクロファージは、LPS 又は PGN に対する応答により TNF α 、IL-6 及び IL-12 をほぼ同程度産生することがわかった (図 5)。なお、それぞれの実験結果は $n = 3$ の平均値を示す。図中の N. D. は検出できなかったことを示す。

また、CpG ODN 又は LPS に対する野生型マウス (Wild type) 及び TLR9 ノックアウトマウス (TLR9^{-/-}) の脾臓細胞の応答性について調べてみた。それぞれのマウスの脾臓細胞 (1×10^5) を単離し、図 6 に示す各種濃度の CpG ODN 又は LPS により 96 ウェルプレート内で培養して脾臓細胞を刺激した。培養から 40 時間後に $1 \mu\text{Ci}$ の [^3H] - チミジン (デュポン社製) を添加して更に 8 時間培養し、[^3H] の摂取量を β シンチレーションカウンター (パカード社製) で測定した (図 6)。この結果から、野生型マウスの脾臓細胞では、CpG ODN や LPS の投与量に依存して細胞増殖反応を促進していたが、TLR9 ノックアウトマウスの脾臓細胞では、いかなる濃度の CpG ODN 刺激においても CpG ODN による細胞増殖反応は見られなかった。また、CpG ODN に応答して、野生型マウス由来の B 細胞表面の主要組織適合遺伝子複合体 (MHC) クラス II の発現が増加した。しかし、TLR9 ノックアウトマウス由来の B 細胞では CpG ODN に誘導された MHC クラス II の発現の増加は見られなかった。以上のことから、TLR9 ノックアウトマウスのマクロファージや B 細胞は、CpG ODN に対する応答性を特異的に欠如していることがわかった。

次に、CpG ODN を含有するバクテリア由来 DNA は樹状細胞を

潜在的に刺激し、T h 1 細胞の発達をサポートすることが知られている
(EMBO J. 18, 6973-6982, 1999、J. Immunol. 161, 3042-3049, 1998、
Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 9305-9310, 1999)。そこでC p G O D
N誘導サイトカインの産生と、骨髓由来の樹状細胞の表面分子のアップ
5 レギュレーションを分析した。野生型マウス (W i l d - t y p e) 又は
TL R 9 ノックアウトマウス (T L R 9 ^{-/-}) の骨髓細胞を、1 0 n
g / m l のマウス顆粒球マクロファージコロニー刺激因子
(Peprotech 社製) を含む1 0 %のウシ胎仔血清を添加したR P M I 1
6 4 0 培地で培養し (J. Exp. Med. 176, 1693-1702, 1992)、培養後6 日
10 目に未成熟の樹状細胞を回収し、0 . 1 μ M のC p G O D N 又は0 .
1 μ g / m l のL P S の存在下若しくは非存在下において、1 0 %のウ
シ胎仔血清を添加したR P M I 1 6 4 0 培地中で2 日間培養した。培養
後、上清中のI L - 1 2 p 4 0 の濃度をE L I S A 法で測定した (図
7)。この結果から、野生型マウス由来の樹状細胞はC p G O D N に応
15 答してI L - 1 2 を産生したが、T L R 9 ノックアウトマウス由来の樹
状細胞においては、C p G O D N はI L - 1 2 の産生を誘導しなかつ
た。

上記1 0 n g / m l のマウス顆粒球マクロファージコロニー刺激因
子 (Peprotech 社製) を含む1 0 %のウシ胎仔血清を添加したR P M I
20 1 6 4 0 培地で培養し、6 日目に回収された樹状細胞を、C D 4 0、C
D 8 0、C D 8 6 及びM H C クラス II に対する、それぞれのビオチン化
抗体により染色し、フィコエリトリン (p h y c o e r y t h r i n :
P E ; ファーミンジェン社製) で標識したストレプトアビジンで発展さ
せ、これらの細胞をセルクエストソフトウェア (ベクトンディッキンソ
25 ン社製) により蛍光活性化セルソーターキャリバー (FACS Calibur) で
分析した (図 8)。この結果から、C p G O D N で刺激すると、野生型

マウス由来の樹状細胞表面においては、CD 40、CD 80、CD 86
及びMHCクラスIIの発現を促進していたが、TLR 9ノックアウトマ
ウス由来の樹状細胞表面では、CpG ODNに対する応答によりこれ
らの分子の発現を促進しなかった（図8）。LPSによる刺激では、野生
5 型マウス由来の樹状細胞もTLR 9ノックアウトマウス由来の樹状細胞
も同様の応答がみられた。以上の結果から、TLR 9はCpG ODN
の細胞応答に不可欠な受容体であることがわかった。

実施例5（TLR 9ノックアウトマウス由来のマクロファージのCpG
ODNに対する応答によるNF- κ B、JNK及びIRAKの活性化）

10 TLRのシグナルは、アダプター分子であるMyD88を介してセリ
ン／トレオニンキナーゼであるIRAKを活性化し、次いでMAPキナ
ーゼ及びNF- κ Bを活性化することが知られている（Immunity 11,
115-122, 1999）。そこでCpG ODNが、かかる細胞内シグナル伝達
分子を活性化するかどうかを調べてみた。実施例3により調製した野生
15 型マウス及びTLR 9ノックアウトマウスの腹腔マクロファージ（ 1×10^6 cells）を、 $1.0 \mu\text{M}$ のCpG ODN又は $1.0 \mu\text{g/ml}$ の
サルモネラ・ミネソタRe-595のLPSで図9に示された時間刺激
し、各マウスのマクロファージから核蛋白質を抽出し、NF- κ BのD
NA結合部位を含む特異的プローブといっしょにインキュベートし、電
20 気泳動を行い、オートラジオグラフィーにより視覚化した（図9）。

この結果から、CpG ODNで刺激すると、野生型マウス由来のマ
クロファージではNF- κ BのDNA結合活性が増加するのに対し、T
LR 9ノックアウトマウス由来のマクロファージではNF- κ BのDN
A結合活性は増加しなかった。TLR 9ノックアウトマウス由来のマク
25 ロファージをLPSで刺激したものは、野生型マウス由来のマクロファ
ージをLPSで刺激したものと同様のNF- κ Bの活性化が見られた。

以上の結果から、CpG ODNの誘導によるNF- κ Bの活性がTLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージにおいて特異的に欠損していることがわかる。なお、図中の矢印はNF- κ Bと特異的プローブとの複合物の位置を示し、矢頭は特異的プローブのみの位置を示している。

上記と同様に図10又は図11で示された時間、CpG ODN又はLPSで刺激した野生型マウス及びTLR9ノックアウトマウスのマクロファージを、溶解緩衝液（最終濃度で1.0%のトリトンX-100、137mMのNaCl、20mMのトリス-HCl、5mMのEDTA、10%のグリセロール、1mMのPMSF、20 μ g/mlのアプロチニン、20 μ g/mlのロイペプチン、1mMのNa₃VO₄及び10mMの β -グリセロリン酸を含有する緩衝液；pH8.0）中にて溶解し、この細胞溶解物を抗JNK抗体（サンタクルス社製）又は抗IRAK抗体（林原生化学研究所株式会社製）で免疫沈降して、文献（Immunity 11, 115-122, 1999）記載のように、インビトロキナーゼアッセイを行い、GST-c-Jun溶解蛋白質（GST-c-Jun）を基質としたJNK活性及びIRAKの活性を測定した（図10, 11における上段；GST-c-Jun, Auto）。

また、上記細胞溶解物を、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動により分離させ、ニトロセルロース膜に移し、この膜を抗JNK抗体（サンタクルス社製）又は抗IRAK抗体（Transduction Laboratories 社製）でブロットして、エンハンスド・ケミルミネッセンス装置（デュポント社製）を使用して視覚化した（図10, 11における下段；WB）。以上の結果から、CpG ODNは野生型マウス由来のマクロファージのJNK及びIRAKを活性化するが、TLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージでは全く活性化しないことがわかった（図10, 1

1)。したがって、C p G ODNを介する情報伝達はT L R 9に依存していることがわかった。

産業上の利用可能性

- 5 メチル化されていないC p Gモチーフを含有するバクテリア由来DNAは免疫細胞を非常に活性化し、T h 1の応答を誘導するが、そのバクテリア由来DNAを認識する受容体は知られていなかった。本発明により、細菌DNAの非メチル化C p G配列を含むオリゴヌクレオチドの受容体が明らかとなったことから、非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識するT L Rファミリーのメンバー受容体タンパク質
- 10 T L R 9や、それをコードする遺伝子DNA等は、細菌性疾病等の診断や、治療に用いることができ、またT L R 9ノックアウト動物を用いると、バクテリア由来DNAの分子レベルにおける作用機作を明らかにすることが可能となる。

請 求 の 範 囲

1. 非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする D N A。
- 5 2. 非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の (a) 又は (b) のタンパク質であることを特徴とする請求項 1 記載の D N A。
(a) 配列番号 2 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質
(b) 配列番号 2 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質
- 10 3. 配列番号 1 に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項 1 記載の D N A。
- 15 4. 請求項 3 記載の遺伝子を構成する D N A とストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項 1 記載の D N A。
5. 非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A を特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の (a) 又は (b) のタンパク質であることを特徴とする請求項 1 記載の D N A。
- 20 (a) 配列番号 4 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質
(b) 配列番号 4 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化 C p G 配列を有する細菌 D N A に対して反応性を有するタンパク質
- 25 6. 配列番号 3 に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項 1 記載の D N A。

7. 請求項 6 記載の遺伝子を構成する DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項 1 記載の DNA。
8. 非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質。
- 5 9. 配列番号 2 に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質。
- 10 10. 配列番号 2 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質。
11. 配列番号 4 に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質。
12. 配列番号 4 に示されるアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項 8 記載のタンパク質。
- 15 13. 請求項 8 ～ 12 のいずれか記載のタンパク質と、マーカータンパク質及び／又はペプチドタグとを結合させた融合タンパク質。
14. 請求項 8 ～ 12 のいずれか記載のタンパク質と特異的に結合する抗体。
15. 抗体がモノクローナル抗体であることを特徴とする請求項 14 記載の抗体。
- 20 16. 請求項 8 ～ 12 のいずれか記載のタンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞。
17. 非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現することを特徴とする非ヒト動物。
- 25 18. 非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受

容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損したことを特徴とする非ヒト動物。

19. 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不反応性であることを特徴とする請求項18記載の非ヒト動物。

5 20. 齧歯目動物が、マウスであることを特徴とする請求項17～19のいずれか記載の非ヒト動物。

21. 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した細胞に、請求項1～7のいずれか記載のDNAを導入することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質を発現する細胞の調製方法。

10

22. 請求項21記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞の調製方法により得られることを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞。

15

23. 被検物質の存在下、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現している細胞をインビトロで培養し、TLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。

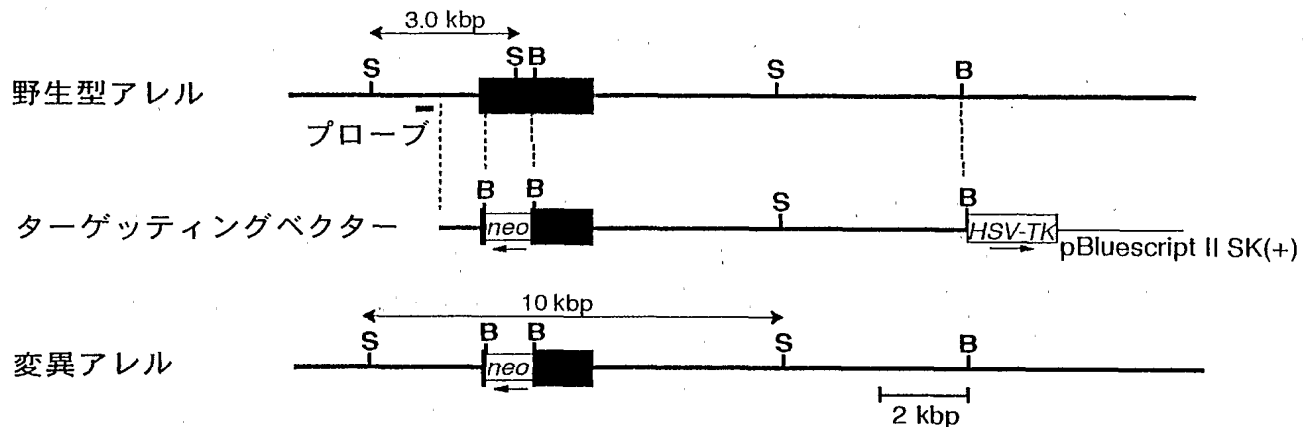
20

24. 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞のTLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。

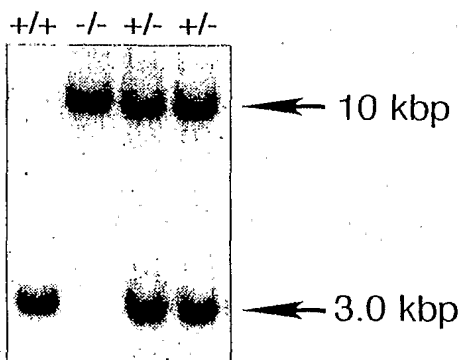
25

25. 非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞の TLR 9 活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化 CpG 配列
- 5 26. 非ヒト動物が、マウスであることを特徴とする請求項 24 又は 25 記載の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA に対して反応性を有するタンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。
- 10 27. 請求項 23～26 のいずれか記載の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法により得られる非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニスト。
- 15 28. 非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質の全部又はその一部を有効成分として含有する医薬組成物。
29. 請求項 27 記載のアゴニスト又はアンタゴニストを有効成分として含有する医薬組成物。
- 20 30. 検体中の非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA と、請求項 3 記載の DNA との塩基配列を比較することができる、請求項 3 記載の DNA を含むことを特徴とする非メチル化 CpG 配列を有する細菌 DNA を特異的に認識する受容体タンパク質をコードする DNA 配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾病の診断キット。
- 25

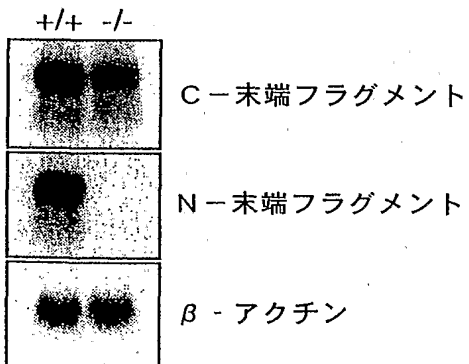
第 1 図



第 2 図



第 3 図

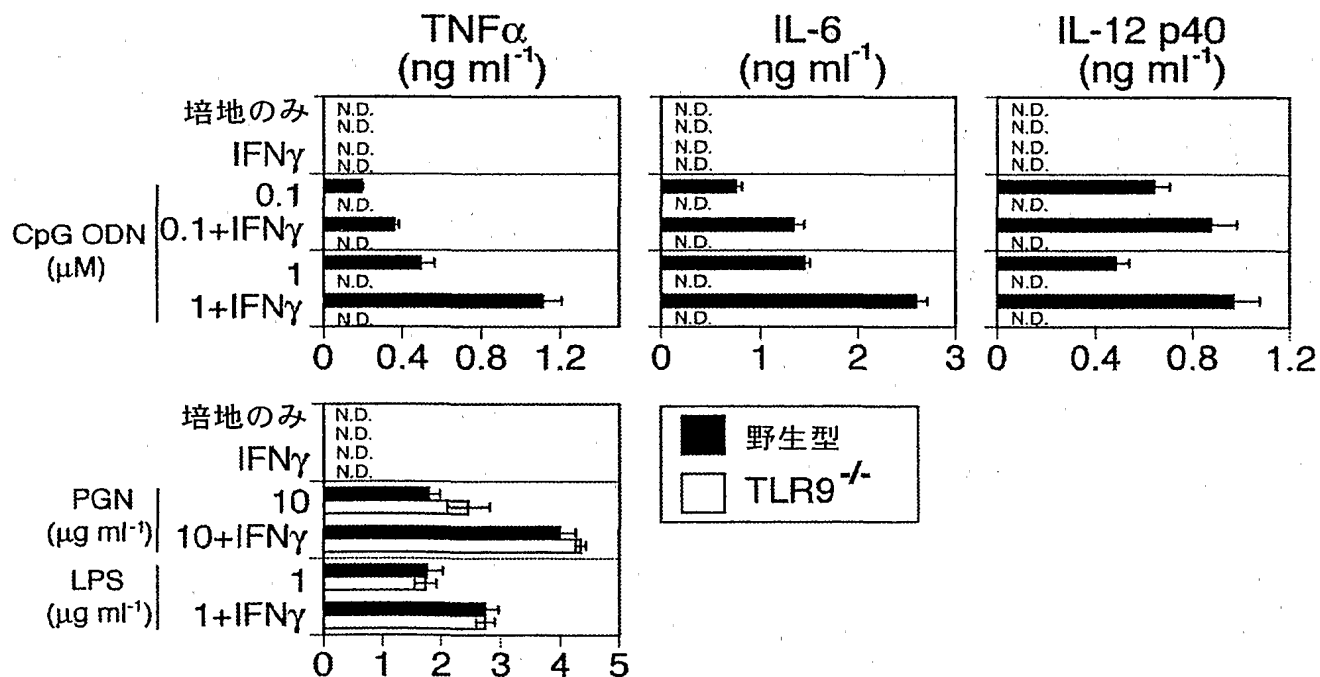


第 4 図

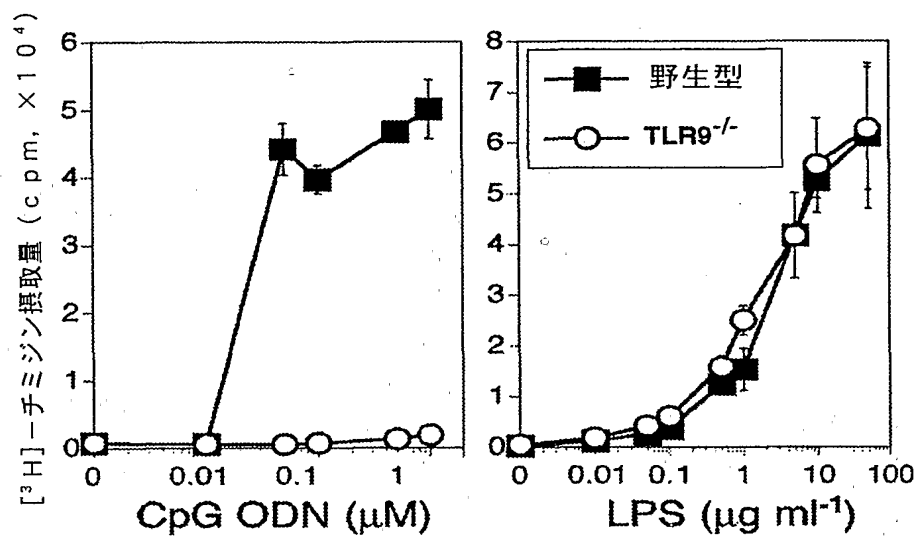
+/+	87	TCC	AAC	CTG	CGG	CAG	CTG	AAC	CTC	AAG	TGG	AAC	TGT	CCA	CCC	ACT	GGC	CTT	AGC	CCC	TTG	CAC	TTC	TCT	TGC	110
		S	N	L	R	Q	L	N	L	K	W	N	C	P	P	T	G	L	S	P	L	H	F	S	C	
-/-	87	TCC	AAC	CTG	CGG	CAG	CTG	AAC	CTC	AAG	TGG	ATT	TTG	TCC	ACC	TGT	CCT	CGA	CGG	ATC	CGA	ACA	AAC	GAC	CCA	
		S	N	L	R	Q	L	N	L	K	W	I	L	S	T	C	P	R	R	I	R	T	N	D	P	

+/+	120	CAC	ATG	ACC	ATT	GAG	CCC	AGA	ACC	TTC	CTG	GCT	ATG	CGT	ACA	CTG	GAG	GAG	CTG	AAC	CTG	AGC	TAT	AAT	GGT	130
		H	M	T	I	E	P	R	T	F	L	A	M	R	T	L	E	E	L	N	L	S	Y	N	G	
-/-		T	P	V	R	F	I	L	S	F	Y	C	R	S	P	Q	K	N	S	S	R	R	R	*		
		ACA	CCC	GTG	CGT	TTT	ATT	CTG	TCT	TTT	TAT	TGC	CGA	TCC	CCT	CAG	AAG	AAC	TCG	TCA	AGA	AGG	CGA	TAG		

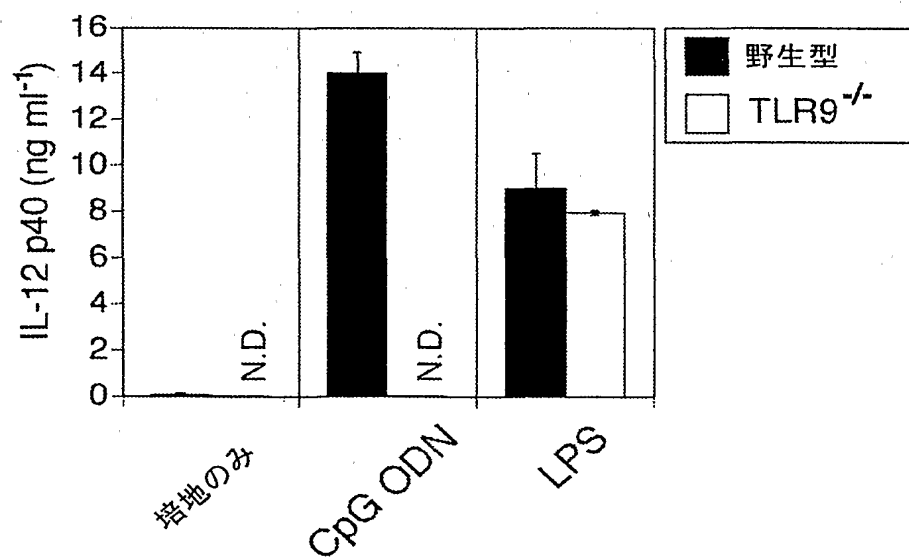
第 5 図



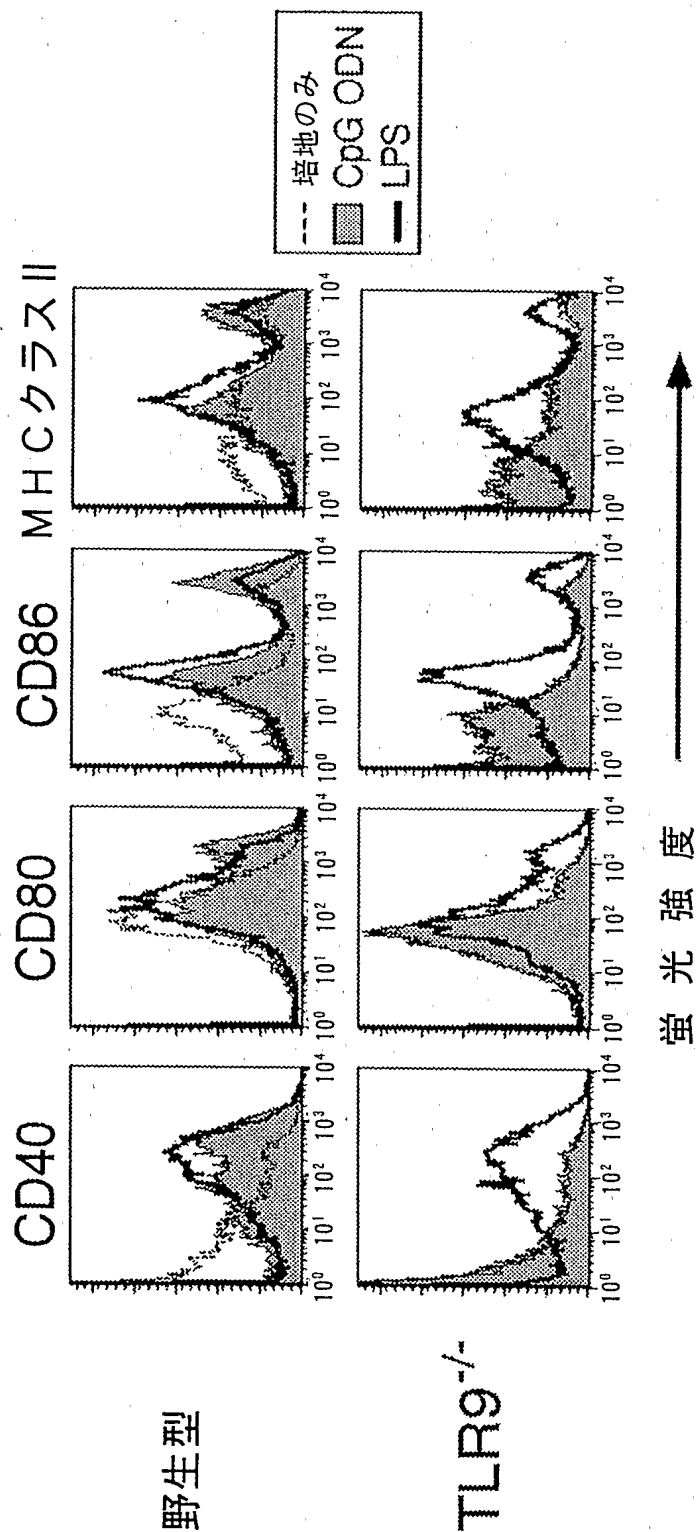
第 6 図



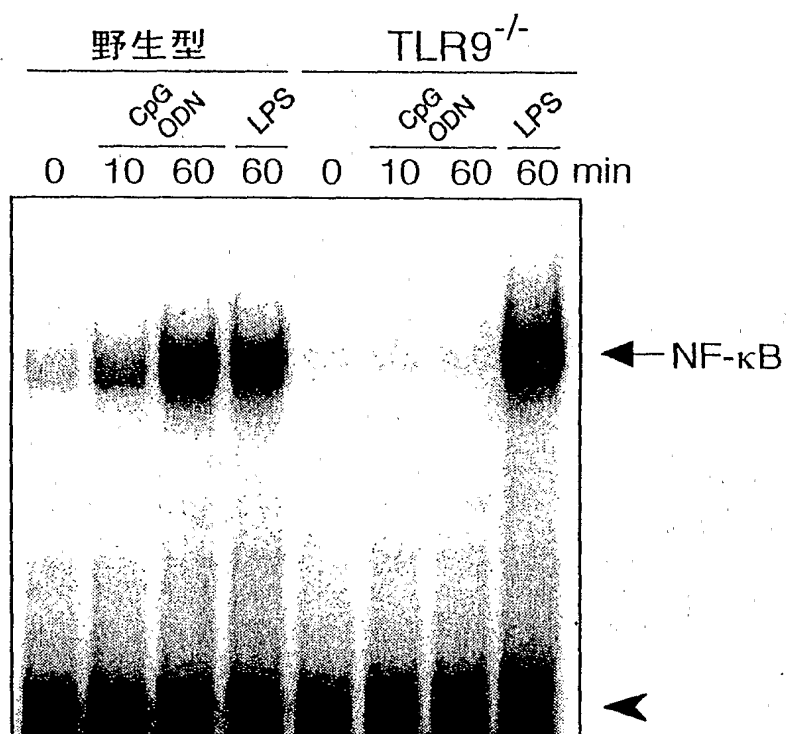
第 7 図



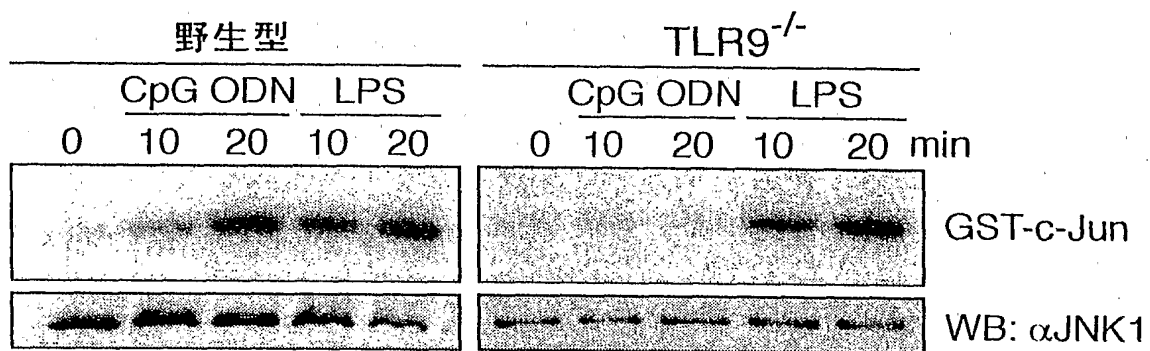
第 8 図



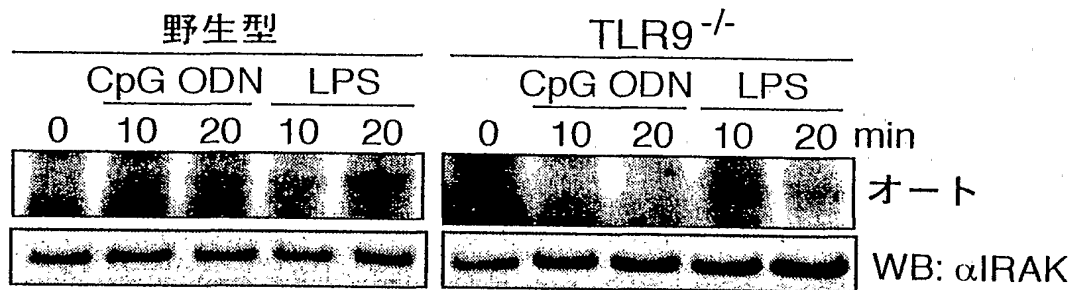
第 9 図



第 10 図



第 11 図



SEQUENCE LISTING

<110> JAPAN SCIENCE AND TECHNOLOGY CORPORATION

<120> Specific receptor that recognizes bacterial DNA

<130> A031-29PCT

<140>

<141>

<150> 2000-219652

<151> 2000-07-19

<160> 5

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 3257

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (107).. (3205)

<400> 1

ccgctgctgc cccgtggga agggacctcg agtgtgaagc atccttcct gtagctgctg 60

tccagctgc	ccgccagacc	ctctggagaa	gccccigccc	cccagc	atg	ggt	ttc	115
					Met	Gly	Phe	
					1			

tgc	cgc	agc	gcc	ctg	cac	ccg	ctg	tct	ctc	ctg	gtg	cag	gcc	atc	atg	163
Cys	Arg	Ser	Ala	Leu	His	Pro	Leu	Ser	Leu	Leu	Val	Gln	Ala	Ile	Met	
5					10					15						

ctg	gcc	atg	acc	ctg	gcc	ctg	ggt	acc	ttg	cct	gcc	ttc	cta	ccc	tgt	211
Leu	Ala	Met	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly	Thr	Leu	Pro	Ala	Phe	Leu	Pro	Cys	
20				25					30				35			

gag	ctc	cag	ccc	cac	ggc	ctg	gtg	aac	tgc	aac	tgg	ctg	ttc	ctg	aag	259
Glu	Leu	Gln	Pro	His	Gly	Leu	Val	Asn	Cys	Asn	Trp	Leu	Phe	Leu	Lys	
				40				45					50			

tct gtg ccc cac ttc tcc atg gca gca ccc cgt ggc aat gtc acc agc	307
Ser Val Pro His Phe Ser Met Ala Ala Pro Arg Gly Asn Val Thr Ser	
55 60 65	
ctt tcc ttg tcc tcc aac cgc atc cac cac ctc cat gat tct gac ttt	355
Leu Ser Leu Ser Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asp Ser Asp Phe	
70 75 80	
gcc cac ctg ccc agc ctg cgg cat ctc aac ctc aag tgg aac tgc ccg	403
Ala His Leu Pro Ser Leu Arg His Leu Asn Leu Lys Trp Asn Cys Pro	
85 90 95	
ccg gtt ggc ctc agc ccc atg cac ttc ccc tgc cac atg acc atc gag	451
Pro Val Gly Leu Ser Pro Met His Phe Pro Cys His Met Thr Ile Glu	
100 105 110 115	
ccc agc acc ttc ttg gct gtg ccc acc ctg gaa gag cta aac ctg agc	499
Pro Ser Thr Phe Leu Ala Val Pro Thr Leu Glu Glu Leu Asn Leu Ser	
120 125 130	
tac aac aac atc atg act gtg cct gcg ctg ccc aaa tcc ctc ata tcc	547
Tyr Asn Asn Ile Met Thr Val Pro Ala Leu Pro Lys Ser Leu Ile Ser	
135 140 145	
ctg tcc ctc agc cat acc aac atc ctg atg cta gac tct gcc agc ctc	595
Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Met Leu Asp Ser Ala Ser Leu	
150 155 160	
gcc ggc ctg cat gcc ctg cgc ttc cta ttc atg gac ggc aac tgt tat	643
Ala Gly Leu His Ala Leu Arg Phe Leu Phe Met Asp Gly Asn Cys Tyr	
165 170 175	
tac aag aac ccc tgc agg cag gca ctg gag gtg gcc ccg ggt gcc ctc	691
Tyr Lys Asn Pro Cys Arg Gln Ala Leu Glu Val Ala Pro Gly Ala Leu	
180 185 190 195	
ctt ggc ctg ggc aac ctc acc cac ctg tca ctc aag tac aac aac ctc	739
Leu Gly Leu Gly Asn Leu Thr His Leu Ser Leu Lys Tyr Asn Asn Leu	
200 205 210	
act gtg gtg ccc cgc aac ctg cct tcc agc ctg gag tat ctg ctg ttg	787
Thr Val Val Pro Arg Asn Leu Pro Ser Ser Leu Glu Tyr Leu Leu Leu	
215 220 225	
tcc tac aac cgc atc gtc aaa ctg gcg cct gag gac ctg gcc aat ctg	835
Ser Tyr Asn Arg Ile Val Lys Leu Ala Pro Glu Asp Leu Ala Asn Leu	

230	235	240	
acc gcc ctg cgt gtg ctc gat gtg ggc gga aat tgc cgc cgc tgc gac			883
Thr Ala Leu Arg Val Leu Asp Val Gly Gly Asn Cys Arg Arg Cys Asp			
245	250	255	
cac gct ccc aac ccc tgc atg gag tgc cct cgt cac ttc ccc cag cta			931
His Ala Pro Asn Pro Cys Met Glu Cys Pro Arg His Phe Pro Gln Leu			
260	265	270	275
cat ccc gat acc ttc agc cac ctg agc cgt ctt gaa ggc ctg gtg ttg			979
His Pro Asp Thr Phe Ser His Leu Ser Arg Leu Glu Gly Leu Val Leu			
	280	285	290
aag gac agt tct ctc tcc tgg ctg aat gcc agt tgg ttc cgt ggg ctg			1027
Lys Asp Ser Ser Leu Ser Trp Leu Asn Ala Ser Trp Phe Arg Gly Leu			
	295	300	305
gga aac ctc cga gtg ctg gac ctg agt gag aac ttc ctc tac aaa tgc			1075
Gly Asn Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Glu Asn Phe Leu Tyr Lys Cys			
	310	315	320
atc act aaa acc aag gcc ttc cag ggc cta aca cag ctg cgc aag ctt			1123
Ile Thr Lys Thr Lys Ala Phe Gln Gly Leu Thr Gln Leu Arg Lys Leu			
	325	330	335
aac ctg tcc ttc aat tac caa aag agg gtg tcc ttt gcc cac ctg tct			1171
Asn Leu Ser Phe Asn Tyr Gln Lys Arg Val Ser Phe Ala His Leu Ser			
340	345	350	355
ctg gcc cct tcc ttc ggg agc ctg gtc gcc ctg aag gag ctg gac atg			1219
Leu Ala Pro Ser Phe Gly Ser Leu Val Ala Leu Lys Glu Leu Asp Met			
	360	365	370
cac ggc atc ttc ttc cgc tca ctc gat gag acc acg ctc cgg cca ctg			1267
His Gly Ile Phe Phe Arg Ser Leu Asp Glu Thr Thr Leu Arg Pro Leu			
	375	380	385
gcc cgc ctg ccc atg ctc cag act ctg cgt ctg cag atg aac ttc atc			1315
Ala Arg Leu Pro Met Leu Gln Thr Leu Arg Leu Gln Met Asn Phe Ile			
	390	395	400
aac cag gcc cag ctc ggc atc ttc agg gcc ttc cct ggc ctg cgc tac			1363
Asn Gln Ala Gln Leu Gly Ile Phe Arg Ala Phe Pro Gly Leu Arg Tyr			
405	410	415	

gtg gac ctg tcg gac aac cgc atc agc gga gct tcg gag ctg aca gcc	1411
Val Asp Leu Ser Asp Asn Arg Ile Ser Gly Ala Ser Glu Leu Thr Ala	
420 425 430 435	
acc atg ggg gag gca gat gga ggg gag aag gtc tgg ctg cag cct ggg	1459
Thr Met Gly Glu Ala Asp Gly Gly Glu Lys Val Trp Leu Gln Pro Gly	
440 445 450	
gac ctt gct ccg gcc cca gtg gac act ccc agc tct gaa gac ttc agg	1507
Asp Leu Ala Pro Ala Pro Val Asp Thr Pro Ser Ser Glu Asp Phe Arg	
455 460 465	
ccc aac tgc agc acc ctc aac ttc acc ttg gat ctg tca cgg aac aac	1555
Pro Asn Cys Ser Thr Leu Asn Phe Thr Leu Asp Leu Ser Arg Asn Asn	
470 475 480	
ctg gtg acc gtg cag ccg gag atg ttt gcc cag ctc tcg cac ctg cag	1603
Leu Val Thr Val Gln Pro Glu Met Phe Ala Gln Leu Ser His Leu Gln	
485 490 495	
tgc ctg cgc ctg agc cac aac tgc atc tcg cag gca gtc aat ggc tcc	1651
Cys Leu Arg Leu Ser His Asn Cys Ile Ser Gln Ala Val Asn Gly Ser	
500 505 510 515	
cag ttc ctg ccg ctg acc ggt ctg cag gtg cta gac ctg tcc cac aat	1699
Gln Phe Leu Pro Leu Thr Gly Leu Gln Val Leu Asp Leu Ser His Asn	
520 525 530	
aag ctg gac ctc tac cac gag cac tca ttc acg gag cta cca cga ctg	1747
Lys Leu Asp Leu Tyr His Glu His Ser Phe Thr Glu Leu Pro Arg Leu	
535 540 545	
gag gcc ctg gac ctc agc tac aac agc cag ccc ttt ggc atg cag ggc	1795
Glu Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe Gly Met Gln Gly	
550 555 560	
gtg ggc cac aac ttc agc ttc gtg gct cac ctg cgc acc ctg cgc cac	1843
Val Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Arg Thr Leu Arg His	
565 570 575	
ctc agc ctg gcc cac aac aac atc cac agc caa gtg tcc cag cag ctc	1891
Leu Ser Leu Ala His Asn Asn Ile His Ser Gln Val Ser Gln Gln Leu	
580 585 590 595	
tgc agt acg tcg ctg cgg gcc ctg gac ttc agc ggc aat gca ctg ggc	1939
Cys Ser Thr Ser Leu Arg Ala Leu Asp Phe Ser Gly Asn Ala Leu Gly	

600	605	610	
cat atg tgg gcc gag gga gac ctc tat ctg cac ttc ttc caa ggc ctg			1987
His Met Trp Ala Glu Gly Asp Leu Tyr Leu His Phe Phe Gln Gly Leu			
615	620	625	
agc ggt ttg atc tgg ctg gac ttg tcc cag aac cgc ctg cac acc ctc			2035
Ser Gly Leu Ile Trp Leu Asp Leu Ser Gln Asn Arg Leu His Thr Leu			
630	635	640	
ctg ccc caa acc ctg cgc aac ctc ccc aag agc cta cag gtg ctg cgt			2083
Leu Pro Gln Thr Leu Arg Asn Leu Pro Lys Ser Leu Gln Val Leu Arg			
645	650	655	
ctc cgt gac aat tac ctg gcc ttc ttt aag tgg tgg agc ctc cac ttc			2131
Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ala Phe Phe Lys Trp Trp Ser Leu His Phe			
660	665	670	675
ctg ccc aaa ctg gaa gtc ctc gac ctg gca gga aac cag ctg aag gcc			2179
Leu Pro Lys Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn Gln Leu Lys Ala			
680	685	690	
ctg acc aat ggc agc ctg cct gct ggc acc cgg ctc cgg agg ctg gat			2227
Leu Thr Asn Gly Ser Leu Pro Ala Gly Thr Arg Leu Arg Arg Leu Asp			
695	700	705	
gtc agc tgc aac agc atc agc ttc gtg gcc ccc ggc ttc ttt tcc aag			2275
Val Ser Cys Asn Ser Ile Ser Phe Val Ala Pro Gly Phe Phe Ser Lys			
710	715	720	
gcc aag gag ctg cga gag ctc aac ctt agc gcc aac gcc ctc aag aca			2323
Ala Lys Glu Leu Arg Glu Leu Asn Leu Ser Ala Asn Ala Leu Lys Thr			
725	730	735	
gtg gac cac tcc tgg ttt ggg ccc ctg gcg agt gcc ctg caa ata cta			2371
Val Asp His Ser Trp Phe Gly Pro Leu Ala Ser Ala Leu Gln Ile Leu			
740	745	750	755
gat gla agc gcc aac cct ctg cac tgc gcc tgt ggg gcg gcc ttt atg			2419
Asp Val Ser Ala Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly Ala Ala Phe Met			
760	765	770	
gac ttc ctg ctg gag gtg cag gct gcc gtg ccc ggt ctg ccc agc cgg			2467
Asp Phe Leu Leu Glu Val Gln Ala Ala Val Pro Gly Leu Pro Ser Arg			
775	780	785	

gtg aag tgt ggc agt ccg ggc cag ctc cag ggc ctc agc atc ttt gca	2515
Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Leu Ser Ile Phe Ala	
790 795 800	
cag gac ctg cgc ctc tgc ctg gat gag gcc ctc tcc tgg gac tgt ttc	2563
Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Ala Leu Ser Trp Asp Cys Phe	
805 810 815	
gcc ctc tcg ctg ctg gct gtg gct ctg ggc ctg ggt gtg ccc atg ctg	2611
Ala Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Leu Gly Leu Gly Val Pro Met Leu	
820 825 830 835	
cat cac ctc tgt ggc tgg gac ctc tgg tac tgc ttc cac ctg tgc ctg	2659
His His Leu Cys Gly Trp Asp Leu Trp Tyr Cys Phe His Leu Cys Leu	
840 845 850	
gcc tgg ctt ccc tgg cgg ggg cgg caa agt ggg cga gat gag gat gcc	2707
Ala Trp Leu Pro Trp Arg Gly Arg Gln Ser Gly Arg Asp Glu Asp Ala	
855 860 865	
ctg ccc tac gat gcc ttc gtg gtc ttc gac aaa acg cag agc gca gtg	2755
Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Thr Gln Ser Ala Val	
870 875 880	
gca gac tgg gtg tac aac gag ctt cgg ggg cag ctg gag gag tgc cgt	2803
Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Gly Gln Leu Glu Glu Cys Arg	
885 890 895	
ggg cgc tgg gca ctc cgc ctg tgc ctg gag gaa cgc gac tgg ctg cct	2851
Gly Arg Trp Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Glu Arg Asp Trp Leu Pro	
900 905 910 915	
ggc aaa acc ctc ttt gag aac ctg tgg gcc tcg gtc tat ggc agc cgc	2899
Gly Lys Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Val Tyr Gly Ser Arg	
920 925 930	
aag acg ctg ttt gtg ctg gcc cac acg gac cgg gtc agt ggt ctc ttg	2947
Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser Gly Leu Leu	
935 940 945	
cgc gcc agc ttc ctg ctg gcc cag cag cgc ctg ctg gag gac cgc aag	2995
Arg Ala Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu Asp Arg Lys	
950 955 960	
gac gtc gtg gtg ctg gtg atc ctg agc cct gac ggc cgc cgc tcc cgc	3043
Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Ser Pro Asp Gly Arg Arg Ser Arg	

965	970	975	
tac gtg cgg ctg cgc	cag cgc ctc tgc cgc	cag agt gtc ctc ctc tgg	3091
Tyr Val Arg Leu Arg	Gln Arg Leu Cys Arg	Gln Ser Val Leu Leu Trp	
980	985	990 995	
ccc cac cag ccc agt	ggt cag cgc agc ttc	tgg gcc cag ctg ggc atg	3139
Pro His Gln Pro Ser	Gly Gln Arg Ser Phe	Trp Ala Gln Leu Gly Met	
1000	1005	1010	
gcc ctg acc agg gac	aac cac cac ttc tat	aac cgg aac ttc tgc cag	3187
Ala Leu Thr Arg Asp	Asn His His Phe Tyr	Asn Arg Asn Phe Cys Gln	
1015	1020	1025	
gga ccc acg gcc gaa	tag ccgtgagccg	gaatcctgca cggtagccacc	3235
Gly Pro Thr Ala Glu			
1030			
tccacactica cctcaccctct	gc		3257

<210> 2

<211> 1032

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met Gly Phe Cys Arg Ser Ala Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln	
1 5 10 15	
Ala Ile Met Leu Ala Met Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe	
20 25 30	
Leu Pro Cys Glu Leu Gln Pro His Gly Leu Val Asn Cys Asn Trp Leu	
35 40 45	
Phe Leu Lys Ser Val Pro His Phe Ser Met Ala Ala Pro Arg Gly Asn	
50 55 60	
Val Thr Ser Leu Ser Leu Ser Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asp	
65 70 75 80	
Ser Asp Phe Ala His Leu Pro Ser Leu Arg His Leu Asn Leu Lys Trp	
85 90 95	
Asn Cys Pro Pro Val Gly Leu Ser Pro Met His Phe Pro Cys His Met	
100 105 110	
Thr Ile Glu Pro Ser Thr Phe Leu Ala Val Pro Thr Leu Glu Glu Leu	
115 120 125	
Asn Leu Ser Tyr Asn Asn Ile Met Thr Val Pro Ala Leu Pro Lys Ser	
130 135 140	
Leu Ile Ser Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Met Leu Asp Ser	

145					150					155				160
Ala	Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	His	Ala	Leu	Arg	Phe	Leu	Phe	Met	Asp Gly
				165					170					175
Asn	Cys	Tyr	Tyr	Lys	Asn	Pro	Cys	Arg	Gln	Ala	Leu	Glu	Val	Ala Pro
			180					185					190	
Gly	Ala	Leu	Leu	Gly	Leu	Gly	Asn	Leu	Thr	His	Leu	Ser	Leu	Lys Tyr
		195					200					205		
Asn	Asn	Leu	Thr	Val	Val	Pro	Arg	Asn	Leu	Pro	Ser	Ser	Leu	Glu Tyr
	210					215					220			
Leu	Leu	Leu	Ser	Tyr	Asn	Arg	Ile	Val	Lys	Leu	Ala	Pro	Glu	Asp Leu
225				230					235					240
Ala	Asn	Leu	Thr	Ala	Leu	Arg	Val	Leu	Asp	Val	Gly	Gly	Asn	Cys Arg
			245						250				255	
Arg	Cys	Asp	His	Ala	Pro	Asn	Pro	Cys	Met	Glu	Cys	Pro	Arg	His Phe
		260					265					270		
Pro	Gln	Leu	His	Pro	Asp	Thr	Phe	Ser	His	Leu	Ser	Arg	Leu	Glu Gly
	275					280						285		
Leu	Val	Leu	Lys	Asp	Ser	Ser	Leu	Ser	Trp	Leu	Asn	Ala	Ser	Trp Phe
	290					295				300				
Arg	Gly	Leu	Gly	Asn	Leu	Arg	Val	Leu	Asp	Leu	Ser	Glu	Asn	Phe Leu
305				310					315					320
Tyr	Lys	Cys	Ile	Thr	Lys	Thr	Lys	Ala	Phe	Gln	Gly	Leu	Thr	Gln Leu
			325						330				335	
Arg	Lys	Leu	Asn	Leu	Ser	Phe	Asn	Tyr	Gln	Lys	Arg	Val	Ser	Phe Ala
		340					345				350			
His	Leu	Ser	Leu	Ala	Pro	Ser	Phe	Gly	Ser	Leu	Val	Ala	Leu	Lys Glu
	355					360					365			
Leu	Asp	Met	His	Gly	Ile	Phe	Phe	Arg	Ser	Leu	Asp	Glu	Thr	Thr Leu
	370				375					380				
Arg	Pro	Leu	Ala	Arg	Leu	Pro	Met	Leu	Gln	Thr	Leu	Arg	Leu	Gln Met
385				390					395					400
Asn	Phe	Ile	Asn	Gln	Ala	Gln	Leu	Gly	Ile	Phe	Arg	Ala	Phe	Pro Gly
			405					410					415	
Leu	Arg	Tyr	Val	Asp	Leu	Ser	Asp	Asn	Arg	Ile	Ser	Gly	Ala	Ser Glu
		420					425					430		
Leu	Thr	Ala	Thr	Met	Gly	Glu	Ala	Asp	Gly	Gly	Glu	Lys	Val	Trp Leu
	435					440					445			
Gln	Pro	Gly	Asp	Leu	Ala	Pro	Ala	Pro	Val	Asp	Thr	Pro	Ser	Ser Glu
	450				455				460					
Asp	Phe	Arg	Pro	Asn	Cys	Ser	Thr	Leu	Asn	Phe	Thr	Leu	Asp	Leu Ser
465				470				475					480	
Arg	Asn	Asn	Leu	Val	Thr	Val	Gln	Pro	Glu	Met	Phe	Ala	Gln	Leu Ser
			485				490					495		
His	Leu	Gln	Cys	Leu	Arg	Leu	Ser	His	Asn	Cys	Ile	Ser	Gln	Ala Val
		500				505					510			
Asn	Gly	Ser	Gln	Phe	Leu	Pro	Leu	Thr	Gly	Leu	Gln	Val	Leu	Asp Leu

Ser	His	Asn	Lys	Leu	Asp	Leu	Tyr	His	Glu	His	Ser	Phe	Thr	Glu	Leu	
530						535					540					
Pro	Arg	Leu	Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Ser	Tyr	Asn	Ser	Gln	Pro	Phe	Gly	
545					550					555					560	
Met	Gln	Gly	Val	Gly	His	Asn	Phe	Ser	Phe	Val	Ala	His	Leu	Arg	Thr	
				565					570					575		
Leu	Arg	His	Leu	Ser	Leu	Ala	His	Asn	Asn	Ile	His	Ser	Gln	Val	Ser	
			580					585					590			
Gln	Gln	Leu	Cys	Ser	Thr	Ser	Leu	Arg	Ala	Leu	Asp	Phe	Ser	Gly	Asn	
		595					600					605				
Ala	Leu	Gly	His	Met	Trp	Ala	Glu	Gly	Asp	Leu	Tyr	Leu	His	Phe	Phe	
	610					615					620					
Gln	Gly	Leu	Ser	Gly	Leu	Ile	Trp	Leu	Asp	Leu	Ser	Gln	Asn	Arg	Leu	
625					630					635					640	
His	Thr	Leu	Leu	Pro	Gln	Thr	Leu	Arg	Asn	Leu	Pro	Lys	Ser	Leu	Gln	
				645					650					655		
Val	Leu	Arg	Leu	Arg	Asp	Asn	Tyr	Leu	Ala	Phe	Phe	Lys	Trp	Trp	Ser	
			660					665					670			
Leu	His	Phe	Leu	Pro	Lys	Leu	Glu	Val	Leu	Asp	Leu	Ala	Gly	Asn	Gln	
	675					680					685					
Leu	Lys	Ala	Leu	Thr	Asn	Gly	Ser	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Arg	Leu	Arg	
	690					695					700					
Arg	Leu	Asp	Val	Ser	Cys	Asn	Ser	Ile	Ser	Phe	Val	Ala	Pro	Gly	Phe	
705					710					715					720	
Phe	Ser	Lys	Ala	Lys	Glu	Leu	Arg	Glu	Leu	Asn	Leu	Ser	Ala	Asn	Ala	
				725					730					735		
Leu	Lys	Thr	Val	Asp	His	Ser	Trp	Phe	Gly	Pro	Leu	Ala	Ser	Ala	Leu	
			740					745					750			
Gln	Ile	Leu	Asp	Val	Ser	Ala	Asn	Pro	Leu	His	Cys	Ala	Cys	Gly	Ala	
	755						760				765					
Ala	Phe	Met	Asp	Phe	Leu	Leu	Glu	Val	Gln	Ala	Ala	Val	Pro	Gly	Leu	
	770					775					780					
Pro	Ser	Arg	Val	Lys	Cys	Gly	Ser	Pro	Gly	Gln	Leu	Gln	Gly	Leu	Ser	
785					790					795					800	
Ile	Phe	Ala	Gln	Asp	Leu	Arg	Leu	Cys	Leu	Asp	Glu	Ala	Leu	Ser	Trp	
				805					810					815		
Asp	Cys	Phe	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ala	Val	Ala	Leu	Gly	Leu	Gly	Val	
			820					825					830			
Pro	Met	Leu	His	His	Leu	Cys	Gly	Trp	Asp	Leu	Trp	Tyr	Cys	Phe	His	
	835						840					845				
Leu	Cys	Leu	Ala	Trp	Leu	Pro	Trp	Arg	Gly	Arg	Gln	Ser	Gly	Arg	Asp	

885									890					895				
Glu	Cys	Arg	Gly	Arg	Trp	Ala	Leu	Arg	Leu	Cys	Leu	Glu	Glu	Arg	Asp			
900									905					910				
Trp	Leu	Pro	Gly	Lys	Thr	Leu	Phe	Glu	Asn	Leu	Trp	Ala	Ser	Val	Tyr			
915									920					925				
Gly	Ser	Arg	Lys	Thr	Leu	Phe	Val	Leu	Ala	His	Thr	Asp	Arg	Val	Ser			
930									935					940				
Gly	Leu	Leu	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Leu	Ala	Gln	Gln	Arg	Leu	Leu	Glu			
945									950					955				
Asp	Arg	Lys	Asp	Val	Val	Val	Leu	Val	Ile	Leu	Ser	Pro	Asp	Gly	Arg			
965									970					975				
Arg	Ser	Arg	Tyr	Val	Arg	Leu	Arg	Gln	Arg	Leu	Cys	Arg	Gln	Ser	Val			
980									985					990				
Leu	Leu	Trp	Pro	His	Gln	Pro	Ser	Gly	Gln	Arg	Ser	Phe	Trp	Ala	Gln			
995									1000					1005				
Leu	Gly	Met	Ala	Leu	Thr	Arg	Asp	Asn	His	His	Phe	Tyr	Asn	Arg	Asn			
1010									1015					1020				
Phe	Cys	Gln	Gly	Pro	Thr	Ala	Glu											
1025									1030									

<210> 3
 <211> 3471
 <212> DNA
 <213> *Mus musculus*

$\langle 220 \rangle$,
 $\langle 221 \rangle$ CDS
 $\langle 222 \rangle$ (107) .. (3205)

```

<400> 3
tgaaagtgtc acttccctcaa ttctctgaga gaccttgggtg tggaacatca ttctctgccg 60

cccagtttgt cagaggggagc ctctgggagaa tcctccatct cccaac atg gtt ctc      115
                                         Met Val Leu
                                         1

cgt cga agg act ctg cac ccc ttg tcc ctc ctg gta cag gct gca gtg      163
Arg Arg Arg Thr Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln Ala Ala Val
      5              10              15

ctg gct gag act ctg gcc ctg ggt acc ctg cct gcc ttc cta ccc tgt      211
Leu Ala Glu Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe Leu Pro Cys
    20              25              30              35

```

gag ctg aag cct cat ggc ctg gtg gac tgc aat tgg ctg ttc ctg aag	259
Glu Leu Lys Pro His Gly Leu Val Asp Cys Asn Trp Leu Phe Leu Lys	
40 45 50	
tct gta ccc cgt ttc tct gcg gca gca tcc tgc tcc aac atc acc cgc	307
Ser Val Pro Arg Phe Ser Ala Ala Ala Ser Cys Ser Asn Ile Thr Arg	
55 60 65	
ctc tcc ttg atc tcc aac cgt atc cac cac ctg cac aac tcc gac ttc	355
Leu Ser Leu Ile Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asn Ser Asp Phe	
70 75 80	
gtc cac ctg tcc aac ctg cgg cag ctg aac ctc aag tgg aac tgt cca	403
Val His Leu Ser Asn Leu Arg Gln Leu Asn Leu Lys Trp Asn Cys Pro	
85 90 95	
ccc act ggc ctt agc ccc ttg cac ttc tct tgc cac atg acc att gag	451
Pro Thr Gly Leu Ser Pro Leu His Phe Ser Cys His Met Thr Ile Glu	
100 105 110 115	
ccc aga acc ttc ctg gct atg cgt aca ctg gag gag ctg aac ctg agc	499
Pro Arg Thr Phe Leu Ala Met Arg Thr Leu Glu Glu Leu Asn Leu Ser	
120 125 130	
tat aat ggt atc acc act gtg ccc cga ctg ccc agc tcc ctg gtg aat	547
Tyr Asn Gly Ile Thr Thr Val Pro Arg Leu Pro Ser Ser Leu Val Asn	
135 140 145	
ctg agc ctg agc cac acc aac atc ctg gtt cta gat gct aac agc ctc	595
Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Val Leu Asp Ala Asn Ser Leu	
150 155 160	
gcc ggc cta tac agc ctg cgc gtt ctc ttc atg gac ggg aac tgc tac	643
Ala Gly Leu Tyr Ser Leu Arg Val Leu Phe Met Asp Gly Asn Cys Tyr	
165 170 175	
tac aag aac ccc tgc aca gga gcg gtg aag gtg acc cca ggc gcc ctc	691
Tyr Lys Asn Pro Cys Thr Gly Ala Val Lys Val Thr Pro Gly Ala Leu	
180 185 190 195	
ctg ggc ctg agc aat ctc acc cat ctg tct gtg aag tat aac aac ctc	739
Leu Gly Leu Ser Asn Leu Thr His Leu Ser Val Lys Tyr Asn Asn Leu	
200 205 210	
aca aag gtg ccc cgc caa ctg ccc ccc agc ctg gag tac ctc ctg gtg	787
Thr Lys Val Pro Arg Gln Leu Pro Pro Ser Leu Glu Tyr Leu Leu Val	

215	220	225	
tcc tat aac ctc att gtc aag ctg ggg cct gaa gac ctg gcc aat ctg			835
Ser Tyr Asn Leu Ile Val Lys Leu Gly Pro Glu Asp Leu Ala Asn Leu			
230	235	240	
acc tcc ctt cga gta ctt gat gtg ggt ggg aat tgc cgt cgc tgc gac			883
Thr Ser Leu Arg Val Leu Asp Val Gly Gly Asn Cys Arg Arg Cys Asp			
245	250	255	
cat gcc ccc aat ccc tgt ata gaa tgt ggc caa aag tcc ctc cac ctg			931
His Ala Pro Asn Pro Cys Ile Glu Cys Gly Gln Lys Ser Leu His Leu			
260	265	270	275
cac cct gag acc ttc cat cac ctg agc cat ctg gaa ggc ctg gtg ctg			979
His Pro Glu Thr Phe His His Leu Ser His Leu Glu Gly Leu Val Leu			
280	285	290	
aag gac agc tct ctc cat aca ctg aac tct tcc tgg ttc caa ggt ctg			1027
Lys Asp Ser Ser Leu His Thr Leu Asn Ser Ser Trp Phe Gln Gly Leu			
295	300	305	
gtc aac ctc tcg gtg ctg gac cta agc gag aac ttt ctc tat gaa agc			1075
Val Asn Leu Ser Val Leu Asp Leu Ser Glu Asn Phe Leu Tyr Glu Ser			
310	315	320	
atc aac cac acc aat gcc ttt cag aac cta acc cgc ctg cgc aag ctc			1123
Ile Asn His Thr Asn Ala Phe Gln Asn Leu Thr Arg Leu Arg Lys Leu			
325	330	335	
aac ctg tcc ttc aat tac cgc aag aag gta tcc ttt gcc cgc ctc cac			1171
Asn Leu Ser Phe Asn Tyr Arg Lys Lys Val Ser Phe Ala Arg Leu His			
340	345	350	355
ctg gca agt tcc ttc aag aac ctg gtg tca ctg cag gag ctg aac atg			1219
Leu Ala Ser Ser Phe Lys Asn Leu Val Ser Leu Gln Glu Leu Asn Met			
360	365	370	
aac ggc atc ttc ttc cgc tcg ctc aac aag tac acg ctc aga tgg ctg			1267
Asn Gly Ile Phe Phe Arg Ser Leu Asn Lys Tyr Thr Leu Arg Trp Leu			
375	380	385	
gcc gat ctg ccc aaa ctc cac act ctg cat ctt caa atg aac ttc atc			1315
Ala Asp Leu Pro Lys Leu His Thr Leu His Leu Gln Met Asn Phe Ile			
390	395	400	

aac cag gca cag ctc agc atc ttt ggt acc ttc cga gcc ctt cgc ttt	1363
Asn Gln Ala Gln Leu Ser Ile Phe Gly Thr Phe Arg Ala Leu Arg Phe	
405 410 415	
gtg gac ttg tca gac aat cgc atc agt ggg cct tca acg ctg tca gaa	1411
Val Asp Leu Ser Asp Asn Arg Ile Ser Gly Pro Ser Thr Leu Ser Glu	
420 425 430 435	
gcc acc cct gaa gag gca gat gat gca gag cag gag gag ctg ttg tct	1459
Ala Thr Pro Glu Glu Ala Asp Asp Ala Glu Gln Glu Glu Leu Leu Ser	
440 445 450	
gcg gat cct cac cca gct cca ctg agc acc cct gct tct aag aac ttc	1507
Ala Asp Pro His Pro Ala Pro Leu Ser Thr Pro Ala Ser Lys Asn Phe	
455 460 465	
atg gac agg tgt aag aac ttc aag ttc acc atg gac ctg tct cgg aac	1555
Met Asp Arg Cys Lys Asn Phe Lys Phe Thr Met Asp Leu Ser Arg Asn	
470 475 480	
aac ctg gtg act atc aag cca gag atg ttt gtc aat ctc tca cgc ctc	1603
Asn Leu Val Thr Ile Lys Pro Glu Met Phe Val Asn Leu Ser Arg Leu	
485 490 495	
cag tgt ctt agc ctg agc cac aac tcc att gca cag gct gtc aat ggc	1651
Gln Cys Leu Ser Leu Ser His Asn Ser Ile Ala Gln Ala Val Asn Gly	
500 505 510 515	
tct cag ttc ctg ccg ctg act aat ctg cag gtg ctg gac ctg tcc cat	1699
Ser Gln Phe Leu Pro Leu Thr Asn Leu Gln Val Leu Asp Leu Ser His	
520 525 530	
aac aaa ctg gac ttg tac cac tgg aaa tcg ttc agt gag cta cca cag	1747
Asn Lys Leu Asp Leu Tyr His Trp Lys Ser Phe Ser Glu Leu Pro Gln	
535 540 545	
ttg cag gcc ctg gac ctg agc tac aac agc cag ccc ttt agc atg aag	1795
Leu Gln Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe Ser Met Lys	
550 555 560	
ggt ata ggc cac aat ttc agt ttt gtg gcc cat ctg tcc atg cta cac	1843
Gly Ile Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Ser Met Leu His	
565 570 575	
agc ctt agc ctg gca cac aat gac att cat acc cgt gtg tcc tca cat	1891
Ser Leu Ser Leu Ala His Asn Asp Ile His Thr Arg Val Ser Ser His	

580	585	590	595	
ctc aac agc aac tca gtg agg ttt ctt gac ttc agc ggc aac ggt atg				1939
Leu Asn Ser Asn Ser Val Arg Phe Leu Asp Phe Ser Gly Asn Gly Met				
	600	605	610	
ggc cgc atg tgg gat gag ggg ggc ctt tat ctc cat ttc ttc caa ggc				1987
Gly Arg Met Trp Asp Glu Gly Gly Leu Tyr Leu His Phe Phe Gln Gly				
	615	620	625	
ctg agt ggc ctg ctg aag ctg gac ctg tct caa aat aac ctg cat atc				2035
Leu Ser Gly Leu Leu Lys Leu Asp Leu Ser Gln Asn Asn Leu His Ile				
	630	635	640	
ctc cgg ccc cag aac ctt gac aac ctc ccc aag agc ctg aag ctg ctg				2083
Leu Arg Pro Gln Asn Leu Asp Asn Leu Pro Lys Ser Leu Lys Leu Leu				
	645	650	655	
agc ctc cga gac aac tac cta tct ttc ttt aac tgg acc agt ctg tcc				2131
Ser Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ser Phe Phe Asn Trp Thr Ser Leu Ser				
	660	665	670	675
ttc ctg ccc aac ctg gaa gtc cta gac ctg gca ggc aac cag cta aag				2179
Phe Leu Pro Asn Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn Gln Leu Lys				
	680	685	690	
gcc ctg acc aat ggc acc ctg cct aat ggc acc ctc ctc cag aaa ctg				2227
Ala Leu Thr Asn Gly Thr Leu Pro Asn Gly Thr Leu Leu Gln Lys Leu				
	695	700	705	
gat gtc agc agc aac agt atc gtc tct gtg gtc cca gcc ttc ttc gct				2275
Asp Val Ser Ser Asn Ser Ile Val Ser Val Val Pro Ala Phe Phe Ala				
	710	715	720	
ctg gcg gtc gag ctg aaa gag gtc aac ctc agc cac aac att ctc aag				2323
Leu Ala Val Glu Leu Lys Glu Val Asn Leu Ser His Asn Ile Leu Lys				
	725	730	735	
acg gtg gat cgc tcc tgg ttt ggg ccc att gtg atg aac ctg aca gtt				2371
Thr Val Asp Arg Ser Trp Phe Gly Pro Ile Val Met Asn Leu Thr Val				
	740	745	750	755
cta gac gtg aga agc aac cct ctg cac tgt gcc tgt ggg gca gcc ttc				2419
Leu Asp Val Arg Ser Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly Ala Ala Phe				
	760	765	770	

gta gac tta ctg ttg gag gtg cag acc aag gtg cct ggc ctg gct aat	2467
Val Asp Leu Leu Leu Glu Val Gln Thr Lys Val Pro Gly Leu Ala Asn	
775 780 785	
ggt gtg aag igt ggc agc ccc ggc cag ctg cag ggc cgt agc atc ttc	2515
Gly Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Arg Ser Ile Phe	
790 795 800	
gca cag gac ctg cgg ctg tgc ctg gat gag gtc ctc tct tgg gac tgc	2563
Ala Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Val Leu Ser Trp Asp Cys	
805 810 815	
ttt ggc ctt tca ctc ttg gct gtg gcc gtg ggc atg gtg gtg cct ata	2611
Phe Gly Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Val Gly Met Val Val Pro Ile	
820 825 830 835	
ctg cac cat ctc tgc ggc tgg gac gtc tgg tac tgt ttt cat ctg tgc	2659
Leu His His Leu Cys Gly Trp Asp Val Trp Tyr Cys Phe His Leu Cys	
840 845 850	
ctg gca tgg cta cct ttg ctg gcc cgc agc cga cgc agc gcc caa gct	2707
Leu Ala Trp Leu Pro Leu Leu Ala Arg Ser Arg Arg Ser Ala Gln Ala	
855 860 865	
ctc ccc tat gat gcc ttc gtg gtg ttc gat aag gca cag agc gca gtt	2755
Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Ala Gln Ser Ala Val	
870 875 880	
gcg gac tgg gtg tat aac gag ctg cgg gtg cgg ctg gag gag cgg cgc	2803
Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Val Arg Leu Glu Glu Arg Arg	
885 890 895	
ggt cgc cga gcc cta cgc ttg tgt ctg gag gac cga gat tgg ctg cct	2851
Gly Arg Arg Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Asp Arg Asp Trp Leu Pro	
900 905 910 915	
ggc cag acg ctc ttc gag aac ctc tgg gct tcc atc tat ggg agc cgc	2899
Gly Gln Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Ile Tyr Gly Ser Arg	
920 925 930	
aag act cta ttt gtg ctg gcc cac acg gac cgc gtc agt ggc ctc ctg	2947
Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser Gly Leu Leu	
935 940 945	
cgc acc agc ttc ctg ctg gct cag cag cgc ctg ttg gaa gac cgc aag	2995
Arg Thr Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu Asp Arg Lys	

950	955	960	
gac gtg gtg gtg ttg gtg atc ctg cgt ccg gat gcc cac cgc tcc cgc			3043
Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Arg Pro Asp Ala His Arg Ser Arg			
965	970	975	
tat gtg cga ctg cgc cag cgt ctc tgc cgc cag agt gtg ctc ttc tgg			3091
Tyr Val Arg Leu Arg Gln Arg Leu Cys Arg Gln Ser Val Leu Phe Trp			
980	985	990	995
ccc cag cag ccc aac ggg cag ggg ggc ttc tgg gcc cag ctg agt aca			3139
Pro Gln Gln Pro Asn Gly Gln Gly Gly Phe Trp Ala Gln Leu Ser Thr			
1000	1005	1010	
gcc ctg act agg gac aac cgc cac ttc tat aac cag aac ttc tgc cgg			3187
Ala Leu Thr Arg Asp Asn Arg His Phe Tyr Asn Gln Asn Phe Cys Arg			
1015	1020	1025	
gga cct aca gca gaa tag ctgagagcaa cagctggaaa cagctgcatc			3235
Gly Pro Thr Ala Glu			
1030			
ttcatgcctg gtccccgagt tgcctgcct gccttgctct gtcttactac accgctatit			3295
ggcaagtgcg caatataigc taccaagcca ccaggccac ggagcaaagg ttggcagtaa			3355
agggtagttt tcttcccatg catctttcag gagagtgaag atagacacca gacccacaca			3415
gaacaggact ggagttcatt ctctgcccct ccaccccact ttgcctgtct ctgtat			3471

<210> 4

<211> 1032

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 4

Met Val Leu Arg Arg Arg Thr Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln			
1	5	10	15
Ala Ala Val Leu Ala Glu Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe			
20	25	30	
Leu Pro Cys Glu Leu Lys Pro His Gly Leu Val Asp Cys Asn Trp Leu			
35	40	45	
Phe Leu Lys Ser Val Pro Arg Phe Ser Ala Ala Ala Ser Cys Ser Asn			
50	55	60	
Ile Thr Arg Leu Ser Leu Ile Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asn			

65					70					75				80	
Ser	Asp	Phe	Val	His	Leu	Ser	Asn	Leu	Arg	Gln	Leu	Asn	Leu	Lys	Trp
				85					90					95	
Asn	Cys	Pro	Pro	Thr	Gly	Leu	Ser	Pro	Leu	His	Phe	Ser	Cys	His	Met
			100					105					110		
Thr	Ile	Glu	Pro	Arg	Thr	Phe	Leu	Ala	Met	Arg	Thr	Leu	Glu	Glu	Leu
		115					120					125			
Asn	Leu	Ser	Tyr	Asn	Gly	Ile	Thr	Thr	Val	Pro	Arg	Leu	Pro	Ser	Ser
	130					135				140					
Leu	Val	Asn	Leu	Ser	Leu	Ser	His	Thr	Asn	Ile	Leu	Val	Leu	Asp	Ala
145					150					155					160
Asn	Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Arg	Val	Leu	Phe	Met	Asp	Gly
			165						170					175	
Asn	Cys	Tyr	Tyr	Lys	Asn	Pro	Cys	Thr	Gly	Ala	Val	Lys	Val	Thr	Pro
		180						185					190		
Gly	Ala	Leu	Leu	Gly	Leu	Ser	Asn	Leu	Thr	His	Leu	Ser	Val	Lys	Tyr
	195						200					205			
Asn	Asn	Leu	Thr	Lys	Val	Pro	Arg	Gln	Leu	Pro	Pro	Ser	Leu	Glu	Tyr
	210					215				220					
Leu	Leu	Val	Ser	Tyr	Asn	Leu	Ile	Val	Lys	Leu	Gly	Pro	Glu	Asp	Leu
225					230					235					240
Ala	Asn	Leu	Thr	Ser	Leu	Arg	Val	Leu	Asp	Val	Gly	Gly	Asn	Cys	Arg
			245						250					255	
Arg	Cys	Asp	His	Ala	Pro	Asn	Pro	Cys	Ile	Glu	Cys	Gly	Gln	Lys	Ser
		260						265					270		
Leu	His	Leu	His	Pro	Glu	Thr	Phe	His	His	Leu	Ser	His	Leu	Glu	Gly
	275					280						285			
Leu	Val	Leu	Lys	Asp	Ser	Ser	Leu	His	Thr	Leu	Asn	Ser	Ser	Trp	Phe
	290					295					300				
Gln	Gly	Leu	Val	Asn	Leu	Ser	Val	Leu	Asp	Leu	Ser	Glu	Asn	Phe	Leu
305				310						315					320
Tyr	Glu	Ser	Ile	Asn	His	Thr	Asn	Ala	Phe	Gln	Asn	Leu	Thr	Arg	Leu
			325						330					335	
Arg	Lys	Leu	Asn	Leu	Ser	Phe	Asn	Tyr	Arg	Lys	Lys	Val	Ser	Phe	Ala
		340						345					350		
Arg	Leu	His	Leu	Ala	Ser	Ser	Phe	Lys	Asn	Leu	Val	Ser	Leu	Gln	Glu
	355						360					365			
Leu	Asn	Met	Asn	Gly	Ile	Phe	Phe	Arg	Ser	Leu	Asn	Lys	Tyr	Thr	Leu
	370				375						380				
Arg	Trp	Leu	Ala	Asp	Leu	Pro	Lys	Leu	His	Thr	Leu	His	Leu	Gln	Met
385				390						395					400
Asn	Phe	Ile	Asn	Gln	Ala	Gln	Leu	Ser	Ile	Phe	Gly	Thr	Phe	Arg	Ala
			405						410					415	
Leu	Arg	Phe	Val	Asp	Leu	Ser	Asp	Asn	Arg	Ile	Ser	Gly	Pro	Ser	Thr
		420						425					430		
Leu	Ser	Glu	Ala	Thr	Pro	Glu	Glu	Ala	Asp	Asp	Ala	Glu	Gln	Glu	Glu

435 440 445
 Leu Leu Ser Ala Asp Pro His Pro Ala Pro Leu Ser Thr Pro Ala Ser
 450 455 460
 Lys Asn Phe Met Asp Arg Cys Lys Asn Phe Lys Phe Thr Met Asp Leu
 465 470 475 480
 Ser Arg Asn Asn Leu Val Thr Ile Lys Pro Glu Met Phe Val Asn Leu
 485 490 495
 Ser Arg Leu Gln Cys Leu Ser Leu Ser His Asn Ser Ile Ala Gln Ala
 500 505 510
 Val Asn Gly Ser Gln Phe Leu Pro Leu Thr Asn Leu Gln Val Leu Asp
 515 520 525
 Leu Ser His Asn Lys Leu Asp Leu Tyr His Trp Lys Ser Phe Ser Glu
 530 535 540
 Leu Pro Gln Leu Gln Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe
 545 550 555 560
 Ser Met Lys Gly Ile Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Ser
 565 570 575
 Met Leu His Ser Leu Ser Leu Ala His Asn Asp Ile His Thr Arg Val
 580 585 590
 Ser Ser His Leu Asn Ser Asn Ser Val Arg Phe Leu Asp Phe Ser Gly
 595 600 605
 Asn Gly Met Gly Arg Met Trp Asp Glu Gly Gly Leu Tyr Leu His Phe
 610 615 620
 Phe Gln Gly Leu Ser Gly Leu Leu Lys Leu Asp Leu Ser Gln Asn Asn
 625 630 635 640
 Leu His Ile Leu Arg Pro Gln Asn Leu Asp Asn Leu Pro Lys Ser Leu
 645 650 655
 Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ser Phe Phe Asn Trp Thr
 660 665 670
 Ser Leu Ser Phe Leu Pro Asn Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn
 675 680 685
 Gln Leu Lys Ala Leu Thr Asn Gly Thr Leu Pro Asn Gly Thr Leu Leu
 690 695 700
 Gln Lys Leu Asp Val Ser Ser Asn Ser Ile Val Ser Val Val Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Phe Ala Leu Ala Val Glu Leu Lys Glu Val Asn Leu Ser His Asn
 725 730 735
 Ile Leu Lys Thr Val Asp Arg Ser Trp Phe Gly Pro Ile Val Met Asn
 740 745 750
 Leu Thr Val Leu Asp Val Arg Ser Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly
 755 760 765
 Ala Ala Phe Val Asp Leu Leu Leu Glu Val Gln Thr Lys Val Pro Gly
 770 775 780
 Leu Ala Asn Gly Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Arg
 785 790 795 800
 Ser Ile Phe Ala Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Val Leu Ser

805 810 815
 Trp Asp Cys Phe Gly Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Val Gly Met Val
 820 825 830
 Val Pro Ile Leu His His Leu Cys Gly Trp Asp Val Trp Tyr Cys Phe
 835 840 845
 His Leu Cys Leu Ala Trp Leu Pro Leu Leu Ala Arg Ser Arg Arg Ser
 850 855 860
 Ala Gln Ala Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Ala Gln
 865 870 875 880
 Ser Ala Val Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Val Arg Leu Glu
 885 890 895
 Glu Arg Arg Gly Arg Arg Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Asp Arg Asp
 900 905 910
 Trp Leu Pro Gly Gln Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Ile Tyr
 915 920 925
 Gly Ser Arg Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser
 930 935 940
 Gly Leu Leu Arg Thr Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu
 945 950 955 960
 Asp Arg Lys Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Arg Pro Asp Ala His
 965 970 975
 Arg Ser Arg Tyr Val Arg Leu Arg Gln Arg Leu Cys Arg Gln Ser Val
 980 985 990
 Leu Phe Trp Pro Gln Gln Pro Asn Gly Gln Gly Gly Phe Trp Ala Gln
 995 1000 1005
 Leu Ser Thr Ala Leu Thr Arg Asp Asn Arg His Phe Tyr Asn Gln Asn
 1010 1015 1020
 Phe Cys Arg Gly Pro Thr Ala Glu
 1025 1030

<210> 5

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:CpG ODN

<400> 5

tccatgacgt tcctgatgct

20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/04731

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N 15/12, 5/10, C07K 14/705, 16/28, C12Q 1/68, C12P 21/02, A61K 38/00, 45/00, A61P 31/04, 35/00, 37/08, G01N 33/15, 33/50, 33/566, 33/577//C12P 21/08, (C12N 15/12, C12R 1:91) (C12N 5/10, C12R 1:91)

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N 15/00-15/90, C07K 14/00-14/825

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG)
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P, X	HEMMI H. et al. A Toll-like receptor recognizes bacterial DNA. Nature December 2000, Vol. 408, pages 740-745	1-26, 28, 30
P, X	DU X. et al. Three novel mammalian toll-like receptors: gene structure, expression and evolution. Eur. Cytoline Netw. September 2000, Vol. 11, No. 3, pages 362-371	1-26, 28, 30
P, A	HACKER H. et al. Immune Cell Activation by Bacterial CpG-DNA through Myeloid Differentiation Marker 88 and Tumor Necrosis Factor Receptor-Associated Factor (TRAF) 6. J. Exp. Med. August 2000, Vol. 192, No. 4, pages 595-600	1-26, 28, 30
A	WO 98/50547 A2 (SCHERING CORP.), 12 November, 1998 (12.11.98), & AU 9871754 A & EP 980429 A2	1-26, 28, 30



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"&" document member of the same patent family
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search
10 August, 2001 (10.08.01)

Date of mailing of the international search report
21 August, 2001 (21.08.01)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/04731

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	KOPP E.B. et al. The Toll-receptor family and control of innate immunity. Curr. Opin. Immunol. 1999, Vol. 11, No. 1, pages 13-18	1-26,28,30
A	TAKEUCHI O. et al. TLR6: A novel member of an expanding Toll-like receptor family. Gene 1999, Vol. 231, pages 59-65	1-26,28,30
A	CHAUDHARY P. M. et al. Cloning and characterization of Two Toll/Interleukin-1 Receptor-Like Genes TIL3 and TIL4:Evidence for a Multi-Gene Receptor Family in Humans. Blood 1998, Vol. 91, No.11, pages 4020-4027	1-26,28,30
A	ROCK F. L. et al. A family of human receptors structurally related to Drosophila Toll. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1998, Vol.95, pages 588-593	1-26,28,30
A	FEARON D.T. et al. Seeking wisdom in innate immunity. Nature 1998, Vol. 388, pages 323-324, 94-397	1-26,28,30
A	WO 99/51259 A2 (UNIV.IOWA RES.FOUND.), 14 October, 1999 (14.10.99), & AU 9934678 A & EP 1067956 A2 & US 6218371 B1	1-26,28,30
A	Krieg A.M. The role of CpG motifs in innate immunity. Curr. Opin. Immunol. February 2000, Vol. 12, No.1, pages 35-43	1-26,28,30
A	TAKEUCHI O. et al. Cellular responses to bacterial cell wall components are mediated through MyD88-dependent signaling cascades. Int. Immunol. January 2000, Vol.12, No.1, pp.113-117	1-26,28,30

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/04731

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 27,29
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See extra sheet.

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/04731

Continuation of Box No.I-2 of continuation of first sheet(1)

The agonist or antagonist as set forth in claim 27 and the medicinal composition as set forth in claim 29 are specified by the screening methods described in claims 23 to 26. Thus, any agonists or antagonists and medicinal compositions obtained by these screening methods are involved in the scopes thereof.

However, the description discloses no particular agonist, antagonist or medicinal composition obtained by these screening methods. Namely, claims 27 and 29 are neither supported nor disclosed by the description. Even though the common technical knowledge at the point of the application is taken into consideration, it is extremely unclear what particular compounds are involved in the scopes thereof and what are not. Thus, these claims are described in an extremely unclear manner.

Such being the case, no meaningful search can be practiced on the inventions as set forth in the above claims.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl⁷ C12N 15/12, 5/10, C07K 14/705, 16/28, C12Q 1/68, C12P 21/02, A61K 38/00, 45/00, A61P 31/04, 35/00, 37/08, G01N 33/15, 33/50, 33/566, 33/577//C12P 21/08, (C12N 15/12, C12R 1:91) (C12N 5/10, C12R 1:91)

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl⁷ C12N 15/00-15/90, C07K 14/00-14/825

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用了電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG)
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
P, X	HEMMI H. et al. A Toll-like receptor recognizes bacterial DNA. Nature Dec. 2000, Vol. 408, p. 740-745	1-26, 28, 30
P, X	DU X. et al. Three novel mammalian toll-like receptors: gene structure, expression and evolution. Eur. Cytoline Netw. Sept. 2000, Vol. 11, No. 3, p. 362-371	1-26, 28, 30

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。

☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)
「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

10.08.01

国際調査報告の発送日

21.08.01

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

本間 夏子



4N

2937

電話番号 03-3581-1101 内線 3488

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
P, A	HACKER H. et al. Immune Cell Activation by Bacterial CpG-DNA through Myeloid Differentiation Marker 88 and Tumor Necrosis Factor Receptor-Associated Factor (TRAF) 6. J. Exp. Med. Aug. 2000, Vol. 192, No. 4, p. 595-600	1-26, 28, 30
A	WO 98/50547 A2 (SCHERING CORP.) 12. 11月. 1998(12. 11. 98) & AU 9871754 A & EP 980429 A2	1-26, 28, 30
A	KOPP E. B. et al. The Toll-receptor family and control of innate immunity. Curr. Opin. Immunol. 1999, Vol. 11, No. 1, p. 13-18	1-26, 28, 30
A	TAKEUCHI O. et al. TLR6: A novel member of an expanding Toll-like receptor family. Gene 1999, Vol. 231, p. 59-65	1-26, 28, 30
A	CHAUDHARY P. M. et al. Cloning and characterization of Two Toll/Interleukin-1 Receptor-Like Genes TIL3 and TIL4: Evidence for a Multi-Gene Receptor Family in Humans. Blood 1998, Vol. 91, No. 11, p. 4020-4027	1-26, 28, 30
A	ROCK F. L. et al. A family of human receptors structurally related to <i>Drosophila</i> Toll. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1998, Vol. 95, p. 588-593	1-26, 28, 30
A	FEARON D. T. et al. Seeking wisdom in innate immunity. Nature 1998, Vol. 388, p. 323-324, 394-397	1-26, 28, 30
A	WO 99/51259 A2 (UNIV. IOWA RES. FOUND.) 14. 10月. 1999(14. 10. 99) & AU 9934678 A & EP 1067956 A2 & US 6218371 B1	1-26, 28, 30
A	Krieg A. M. The role of CpG motifs in innate immunity. Curr. Opin. Immunol. Feb. 2000, Vol. 12, No. 1, p. 35-43	1-26, 28, 30

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	TAKEUCHI O. et al. Cellular responses to bacterial cell wall components are mediated through MyD88-dependent signaling cascades. Int. Immunol. Jan. 2000, Vol. 12, No. 1, p. 113-117	1-26, 28, 30

第 I 欄 2. について

請求の範囲 27 に記載のアゴニスト又はアンタゴニスト、請求の範囲 29 に記載の医薬組成物は、請求の範囲 23 ～ 26 に記載のスクリーニング方法によって特定されており、当該スクリーニング方法によって得られるあらゆるアゴニスト又はアンタゴニスト及び医薬組成物を包含するものである。

しかしながら、明細書には、当該スクリーニング方法で得られるアゴニスト又はアンタゴニスト及び医薬組成物としての具体的なものが一切記載されていないから、請求の範囲 27, 29 は明細書による裏付けを欠いており、開示も欠いている。また、出願時の技術常識を勘案しても具体的にどのような化合物が包含され、どのような化合物が包含されないのかが全く不明であって、前記請求の範囲の記載は著しく不明確である。

したがって、前記請求の範囲に記載された発明について有意義な調査をすることができない。